Varianzanalysen - Prüfen der Voraussetzungen und nichtparametrische Methoden sowie praktische Anwendungen mit R und SPSS

Version 3.2
(28.4.2019)

Haiko Lüpsen

Regionales Rechenzentrum (RRZK)

Kontakt: Luepsen@Uni-Koeln.de

Universität zu Köln

Vorwort

Entstehung

In den letzten Jahren hatte ich mehrfach Kurse zum Thema „nichtparametrische Methoden mit SPSS“ bzw. Kurse zur Programmiersprache S und dem System R sowohl am RRZK als auch an anderen Einrichtungen. gehalten. Dort hatte sich gezeigt, dass ein großes Interesse an nichtparametrischen statistischen Verfahren besteht, insbesondere im Bereich Varianzanalyse. Immerhin sind die dazu zählenden Verfahren, vom t-Test bis zur mehrfaktoriellen Analyse mit Messwiederholungen, die am meisten verwendeten. Umso erstaunlicher ist es, dass in den großen Statistiksystemen, insbesondere in SPSS, außer den alt bekannten 1-faktoriellen Klassikern Kruskal-Wallis- und Friedman-Tests keine nichtparametrischen Varianzanalysen angeboten werden. An Methoden mangelt es nicht, wie die nachfolgenden Kapitel sowie die angeführte Literatur zu diesem Thema zeigen.

Immerhin kann man mit mehr oder weniger Aufwand einige dieser Verfahren auch in SPSS durchführen, da sich manche auf die klassische Varianzanalyse zurückführen lassen. Solche Verfahren stehen daher im Vordergrund. Mit S bzw. R lassen sich naturgemäß alle Methoden programmieren. Auch da zeigen sich erstaunlicherweise große Lücken im Angebot. Daher sind im Anhang selbst erstellte R-Funktionen zu diesem Thema angeführt.

Da sich zwangsläufig vor Durchführung der Varianzanalyse die Frage stellt: In wieweit sind die Voraussetzungen für die parametrische Analyse erfüllt und wie robust sind die Verfahren, werden diese Fragen auch ausführlich behandelt. Manchmal reichen auch robuste Varianten der „klassischen“ Varianzanalyse, die hier natürlich auch vorgestellt werden.

Dieses waren die Themen meiner Kurse. In den entsprechenden Kursunterlagen waren die Antworten bzw. Lösungen zu den o.a. Fragen und Methoden nur skizziert. Da ich im WWW keine vergleichbare Zusammenstellung gefunden hatte, entschloss ich mich, die Kursunterlagen beider Kurse (SPSS und R) zu einem Skript „auszubauen“, das als Anleitung benutzt werden kann.

Zwei Jahre später

Nach dem Lesen von über 200 Veröffentlichungen zu nichtparametrischen Varianzanalysen habe ich meine Einstellung zur Anwendung dieser Verfahren allerdings ändern müssen: Während allgemein der Glaube herrscht, dass nichtparamtrische Analysen eigentlich immer anwendbar seien, insbesondere wenn irgendwelche Voraussetzungen nicht erfüllt sind, so musste ich mich von dieser Annahme verabschieden, was auch deutlich in die letzten Versionen des Skripts eingeflossen ist.

Bei der Vorstellung der Verfahren in diesem Skript interessierte es mich zunehmend, wie gut oder wie schlecht diese unter diversen Bedingungen abschneiden bzw. welche Unterschiede es gibt. Da es nur wenig Literatur über Vergleiche der Verfahren gibt, insbesondere nur unter sehr „einfachen“ Bedingungen, hatte ich mich Ende 2014 entschlossen, selbst mittels Monte Carlo-Simulationen die hier vorgestellten Verfahren zu vergleichen. Ein erster Teil, unabhängige Stichproben betreffend, ist inzwischen abgeschlossen und in der Zeitschrift *Communications in Statistics - Simulation and Computation* veröffentlicht. Das Resultat kann unter der gleichen Adresse heruntergeladen werden wie dieses Skript. Insbesondere haben die Ergebnisse o.a. Glauben ebenso deutlich widerlegt.

Umfang und Lesehinweise

Das Skript setzt voraus, dass der Leser zum einen mit Varianzanalysen (mehr oder weniger) vertraut ist und zum anderen mit R bzw. SPSS umgehen kann. So werden z.B. bei SPSS weitgehend die Angaben zu den Menüs, über die die einzelnen Funktionen erreichbar sind, zugunsten der SPSS-Syntax ausgespart. Eine generelle Einführung in die Varianzanalyse sowie Ziehen der richtigen Schlüsse etc behandelt werden, ist geplant.

Ursprünglich war geplant, das Thema „multiple Mittelwertvergleiche und α-Adjustierungen" ebenfalls in diesem Skript zu behandeln. Allerdings merkte ich schnell bei der Sichtung der Verfahren und der aktuellen Literatur, dass dies ein eigenes „Thema" sein muss. Dementsprechend gibt es inzwischen dazu ein eigenes Skript, das an gleicher Stelle wie dieses abrufbar ist und das auf das vorliegende Bezug nimmt.

Zu jedem Versuchsplan, z.B. ohne bzw. mit Messwiederholungen, und zu jeder Methode gibt es nach einer kurzen Beschreibung des Verfahrens jeweils ein ausführliches Beispiel. Dieses wird dann einmal mit R sowie einmal mit SPSS durchgerechnet.

Die Ergebnistabellen aus R und SPSS sind zum Teil verkürzt wiedergegeben, d.h. Teile, die nicht zum Verständnis erforderlich sind, fehlen hier.

Historie

Version 3.2 (28.4.2019): Ergänzung um Beispiele mit etwas „problematischeren" Datensätzen, diverse Korrekturen sowie eine generelle Überarbeitung.

Version 3.1 (5.8.2018): Korrekturen an den Puri & Sen-Verfahren.

Version 3.0 (11.6.2018): Berücksichtigung neuerer Ergebnisse zur Analyse dichotomer Kriteriumsveriablen, GLM-Verfahren und simple effect-Analysen.

Version 2.4 (20.7.2017): Ausführlichere Behandlung des Falls heterogener Varianzen.

Version 2.3.2 (9.3.2017): Diverse Korrekturen.

Version 2.3.1 (11.2.2017): Berücksichtigung neuer R-Funktionen für das ATS-Verfahren.

Version 2.3 (8.2.2017): Hinzunahme GEE und GLMM-Verfahren.

Version 2.2 (25.11.2016): Hinzunahme logistische Regression mit Messwiederholungen.

Version 2.1.1 (18.10.2016): Korrekturen bei Kontrasten.

Version 2.1 (30.9.2016): Hinzunahme des multivariaten Tests von Hotelling-Lawley.

Version 2.0 (29.6.2016): Komplette Überarbeitung des Skripts. Vorstellung zahlreicher neuerer Verfahren, z.B. ART+INT, sowie neuer R-Pakete (z.B. ARTool und onewaytests).

Inhaltsverzeichnis

Datensätze

Alle Datensätze können von folgender Webseite heruntergeladen werden, wo diese größtenteils im txt-, R- (RData) und SPSS-Format (.por bzw. .sav) vorliegen:

http://www.uni-koeln.de/~luepsen/daten/

1. Allgemeines zur nichtparametrischen Statistik

Parametrischen statistischen Verfahren (http://de.wikipedia.org/wiki/Parametrische_Statistik) liegt in der Regel ein mathematisches Modell zugrunde, das auf einer Verteilungsannahme beruht, häufig der Normalverteilung. Dabei müssen nicht unbedingt die Merkmale selbst der Verteilung folgen, häufig sind es auch abgeleitete Größen wie z.B. die Residuen. Die im Modell angenommene Verteilung hat Parameter (z.B. Mittelwert μ und Standardabweichung σ bei der Normalverteilung), über die sich dann die Parameter des Modells bestimmen lassen. Bei den *nichtparametrischen* Verfahren, auch *verteilungsfreie* Verfahren genannt, wird in der Regel keine solche Verteilung angenommen.

Parametrische Verfahren werden meistens angewandt, wenn die abhängige Variable metrisch ist und zusätzliche Verteilungsvoraussetzungen, wie Normalverteilung der Residuen, erfüllt sind. Häufig kommen zusätzliche Voraussetzungen hinzu, wie z.B. Homogenität der Varianzen oder Unabhängigkeit der Beobachtungen. So z.B. bei der Varianz- oder Regressionsanalyse. Ist eine der Voraussetzungen nicht erfüllt, versucht man, äquivalente nichtparametrische Verfahren anzuwenden, sofern vorhanden. Letztere haben gegenüber den parametrischen meistens eine geringere (asymptotische) Effizienz - mehr dazu im nächsten Kapitel, in der Regel zwischen 63.7% (2/pi), z.B. beim Vorzeichen- und Mediantest, und 95,5% (3/pi), so beim Mann-Whitney U- und Kruskal-Wallis H-Test, falls alle Voraussetzungen erfüllt sind. Die Effizienz nichtparametrischer Tests kann allerdings auch umgekehrt über 100% , sogar beliebig hoch, liegen, wenn die Verteilungsvoraussetzungen nicht erfüllt sind. D.h. je weniger die Voraussetzungen eines parametrischen Tests erfüllt sind, desto eher kann zu einem nichtparametrischen Test geraten werden.

Vielfach werden Vorbehalte gegen nichtparametrische Verfahren geltend gemacht, weil bei diesen nicht alle Informationen der Daten ausgeschöpft würden. Dieses mag zwar gelegentlich der Fall sein, z.B. beim Median-Test als nichtparametrische Varianzanalyse, gilt aber nicht allgemein und insbesondere nicht für die hier besprochenen Methoden. So hat z.B. Sawilowsky (1990) in seiner Zusammenstellung auch diesen allgemeinen Punkt betrachtet. Demnach schneiden die (hier aufgeführten) nichtparametrischen Verfahren fast genau so gut ab, wie die parametrische Varianzanalyse. Und insbesondere wenn die Voraussetzung der Normalverteilung nicht gegeben ist, sind die nichtparametrischen überlegen. Dennoch können auch diese in manchen Fällen, z.B. bei ungleichen Varianzen, ebenso schlecht, oder sogar noch schlechter abschneiden.

In Abhängigkeit vom Skalenniveau der abhängigen Variablen unterscheidet man die Verfahren. Vorab jedoch einige wichtige Begriffe, die für die Beurteilung von statistischen Tests von Bedeutung sind.

1. 1 Wichtige Begriffe

1. 1. 1 Fehler 1. und 2. Art

Wenn eine Hypothese H_0 , z.B. gleiche Mittelwerte, vorliegt und diese mit einem Test überprüft werden soll, gibt man in der Regel eine Irrtumswahrscheinlichkeit α vor. Dieses ist der *Fehler 1. Art*. Er bedeutet, dass z.B. bei einer Vorgabe α=0,05 in 5 von 100 Fällen H_0 abgelehnt wird, obwohl H_0 richtig ist. Dagegen bezeichnet man mit *Fehler 2. Art* die Wahrscheinlichkeit, dass H_0 angenommen wird, obwohl H_0 falsch ist. Diese Wahrscheinlichkeit wird mit β bezeichnet und 1-β heißt die Teststärke oder Power. β ist zunächst unbekannt, kann aber für zahlreiche Tests bei Vorgabe einiger Daten, wie z.B. *n* oder der Effektgröße, errechnet werden.

1. 1. 2 Effizienz eines Tests

Die (*asymptotische*) *relative Effizienz* (ARE) eines nichtparametrischen Tests A in Bezug auf einen parametrischen Test B (zur Prüfung derselben Hypothese) ist definiert als (das Grenzverhältnis für große *n*) n_B/n_A, den Quotienten der erforderlichen Stichprobenumfänge (n_A für Test A und n_B für Test B) zur Erlangung desselben Wertes für β, bei einem beliebigen (aber festen) α und unter der Annahme, dass die Voraussetzungen des parametrischen Tests erfüllt sind. (Dieser Grenzwert ist allerdings unabhängig von *a*.) D.h. eine Effizienz eines nichtparametrischen Tests A von 95% oder 67 % gegenüber einem parametrischen Test B bedeutet, dass z.B. bei gleichen Mittelwertunterschieden der nichtparametrische Test eine ca. 5% ((100-95)/95) bzw. 50% ((100-67)/67) größere Stichprobe erfordert, um dieselbe Signifikanz zu erreichen. Dies schließt nicht aus, dass ein nichtparametrischer Test eine höhere Effizienz als der entsprechende parametrische haben kann, wenn die Voraussetzungen für den parametrischen nicht erfüllt sind. So hat z.B. der Test von van der Waerden (vgl.Kapitel 2.6) für nichtnormalverteilte Variablen eine Effizienz größer als 1. Eine höhere Effizienz bedeutet immer auch eine größere Teststärke 1-β.

Die Idee der asymptotischen relativen Effizienz ist folgende: Mit größer werdendem *n* wird auch der kleinste (Mittelwert-) Unterschied bei jedem Test einmal signifikant. Ein Test, der bis zu diesem Punkt ein kleineres *n* benötigt als ein anderer, kann als effizienter angesehen werden, da er mit einer kleineren Stichprobe auskommt.

1. 1. 3 konservative und liberale Tests

Ein Test reagiert *konservativ*, wenn die tatsächliche Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 1. Art kleiner als das vorgegebene α ist. D.h. wenn z.B. bei einem α=0.05 die Anzahl der irrtümlich abgelehnten Nullhypothesen unter 5% liegt. Entsprechend reagiert ein Test *liberal*, wenn die tatsächliche Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 1. Art das vorgegebene α überschreiten kann. D.h. wenn z.B. bei einem α=0.05 die Anzahl der irrtümlich abgelehnten Nullhypothesen nicht konsequent unter 5% liegt.

Ein Test A ist *konservativer* (*liberaler*) als ein Test B, wenn die tatsächliche Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 1. Art für A kleiner (größer) als für B ist. So ist z.B. bei den multiplen Mittelwertvergleichen der Newman-Keuls-Test ein liberaler Test, und der Newman-Keuls-Test ist liberaler als der Tukey-Test. Umgekehrt ist der Tukey-Test konservativer als der Newman-Keuls-Test. Konservative Tests sind in der Regel schwächer als liberale Tests.

1. 1. 4 starke und schwache Tests

Ein Test A ist *stärker* (*schwächer*) als ein Test B, wenn bei gleichem α und *n* die Wahrcheinlichkeit β für einen Fehler 2. Art bei Test A größer (kleiner) ist als bei Test B. D.h. bei Test A ist es leichter (schwieriger), einen Unterschied nachzuweisen als bei Test B.

1. 1. 5 robuste Tests

Ein Test wird als *robust* bezeichnet, wenn auch bei (moderaten) Verletzungen der Voraussetzungen die Ergebnisse noch korrekt sind. Das beinhaltet zweierlei: Zum einen wird die Rate für den Fehler 1. Art α eingehalten, d.h. bei z.B. α=0.05 sind auch nur 5 von 100 Ergebnissen zufällig signifikant. Zum anderen verändert sich die Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 2. Art β nicht drastisch, d.h. auch bei verletzten Voraussetzungen kann man noch signifikante Resultate erhalten.

1. 2 Methoden für metrische Merkmale

Bei diesen werden die Werte der Variablen in Ränge umgerechnet (vgl. http://de.wikipedia.org/wiki/Rang_(Statistik)). Auf diese werden dann die klassischen parametrischen Verfahren angewandt. So ist z.B. der Spearman-Rangkorrelationskoeffizient nichts anderes als der Pearson-Produkt-Moment-Korrelationskoeffizient der Ränge. Lediglich die Signifikanztests sind dann nicht mehr korrekt. Die *korrekten Signifikanzen* errechnen sich mit Mitteln der Kombinatorik, allerdings nur für kleine *n* (etwa <20) oder es werden *asymptotische Signifikanztests* angeboten, die nur für große *n* (n>20) gültig sind. In SPSS wird beides angeboten. Es konnte allerdings gezeigt werden, dass die Anwendung der klassischen parametrischen Verfahren auf die rangtransformierten Daten (ohne Anpassung der Signifikanztests) zu i.a. gültigen Ergebnissen führt. Und dies sogar bei Verfahren, die sonst als sehr sensitiv bzgl. der Verletzungen von Voraussetzungen gelten, so z.B. multiple Mittelwwertvergleiche und Diskriminanzanalyse, klassischen parametrischen Verfahren (vgl. dazu Conover & Iman, 1981.)

1. 3 Methoden für ordinale Merkmale

Die oben erwähnten Verfahren für metrische Verfahren setzen voraus, dass eine Variable keine gleichen Werte hat. Durch sog. *Bindungskorrekturen* werden diese Verfahren allerdings auch anwendbar für ordinale Variablen, bei denen typischerweise Werte mehrfach vorkommen und dieser Tatsache bei der Rangberechnung durch die sog. *Bindungen* Rechnung getragen wird. Inzwischen sind in allen diesen Verfahren Bindungskorrekturen eingebaut.

In den letzten Jahren sind auch zunehmend Modelle für ordinale Merkmale entwickelt worden, denen die *relativen Effekte* zugrunde liegen, u.a. von Akritas, Arnold und Brunner (2013). Die daraus resultierenden Verfahren haben eine vergleichsweise hohe Effizienz, z.B. im Gegensatz zum Median-Test, der auch ohne Rangtransformationen metrischer Variablen auskommt. Mehr dazu in Kapitel 2.8.

1. 4 Methoden für dichotome Merkmale

Dichotome Variablen könnte man einfach unter die nominalen Variablen subsummieren. Sie spielen aber eine Sonderrolle: Zum einen gestalten sich viele Formeln und mathematische Verfahren einfacher, wenn ein Merkmal nur zwei Ausprägungen hat. Zum anderen haben viele Simulationen gezeigt, dass man dichotome Variablen bei größeren Fallzahlen vielfach genauso handhaben kann wie metrische Variablen. So z.B. bei der Varianzanalyse. Hinzu kommt, dass man dichotome Variablen als Extremfall einer ordinalen Variablen betrachten kann und somit die dafür konzipierten Verfahren anwenden kann. Tatsächlich sind Verfahren für dichtomome Variablen häufig identisch mit den äquivalenten für ordinale Variablen, z.B. der Phi-Koeffizient (Abhängigkeitsmaß) als Spezialfall des Spearman-Korrelationskoeffizienten oder Cochrans Q-Test als Spezialfall von Friedmans Varianzanalyse (vgl. dazu Cochran, W.G., 1950 und Lunney, G.H., 1970).

1. 5 Methoden für nominale Merkmale

Hier sind die polychotomen Merkmale angesprochen, also solche mit drei oder mehr Ausprägungen. Für solche Variablen gibt es vergleichsweise wenig statistische Methoden. Hinzu kommt, dass diese nicht immer trivial anzuwenden und die Ergebnisse nicht immer leicht verständlich sind. Entsprechende Methoden werden hier nicht vorgestellt.

1. 6 Prüfung auf Normalverteilung

Die Normalverteilung spielt eine bedeutende Rolle bei der Entscheidung für oder gegen parametrische Verfahren. Insbesondere bei metrischen abhängigen Variablen wird i.a. eine Prüfung auf Normalverteilung vorgenommen, und zwar der Residuen *e*, die Bestandteil jedes varianzanalytischen Modells sind, z.B.

$$x_{ijm} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + e_{ijm} \quad (i=1,...,I \;\; , j=1,...,J \text{ und } m=1,...,n_{ij})$$

Im einfachen Fall der Analyse ohne Messwiederholungen ist die Normalverteilung der Residuen äquivalent mit der Normalverteilung der abhängigen Variablen in jeder Zelle, allerdings auf keinen Fall mit der Normalverteilung der abhängigen Variablen insgesamt. (Letzteres würde ja selten der Fall sein, da das untersuchte Merkmal für die einzelnen Zellen unterschiedliche Mittelwerte haben wird, die zu mehreren unterschiedlichen Gipfeln in der Gesamtverteilung führen würden.) Wollte man die abhängige Variable zellenweise auf Normalverteilung prüfen - wie es z.B. beim t-Test häufig gemacht wird - so müsste man eine Reihe von Prüfungen vornehmen, wo für jede von diesen nur ein geringes *n* zur Verfügung stünde, manchmal vielleicht weniger als 5. Damit lässt sich eine Normalverteilung weder beweisen noch widerlegen, egal mit welchem Verfahren. Das gleiche gilt natürlich auch, wenn man zellenweise die Residuen auf Normalverteilung überprüfen wollte.

Daher ist es erforderlich, alle Residuen e_{ijm} zusammen auf Normalverteilung zu überprüfen, denn dadurch kumulieren sich die n_{ij} zu einem brauchbaren *n*. Als Methoden gibt es sowohl Tests, u.a. der Shapiro-Wilk- oder der klassische Kolmogorov-Smirnov-Test, als auch Grafiken, u.a. Histogramme oder *normal probability Plots.*

Bei den Tests steckt man in einem Dilemma: Zum einen ist die Normalverteilungsvoraussetzung eher für kleinere Stichproben relevant als für größere, da bei großem *n* nach dem *zentralen Grenzwertsatz* ohnehin die Test-Statistiken die erforderlichen Verteilungsvoraussetzungen erfüllen. Zum anderen sprechen statistische Tests bei kleinem *n* nicht an, d.h. die Nullhypothese muss angenommen und eine Abweichung von der Normalverteilung kann nicht nachgewiesen werden.

Daher empfiehlt es sich, die Normalverteilung visuell über Grafiken zu überprüfen. Normal probability Plots sind insbesondere für Unerfahrene schwerer interpretierbar (siehe unten), so dass letztlich Histogramme das Verfahren der Wahl sind. Um nicht zu irreführenden Ergebnissen zu kommen, muss allerdings die Intervallzahl auf die Anzahl Beobachtungen *n* abgestimmt sein. Eine einfache aber dennoch sehr gute Faustregel ist

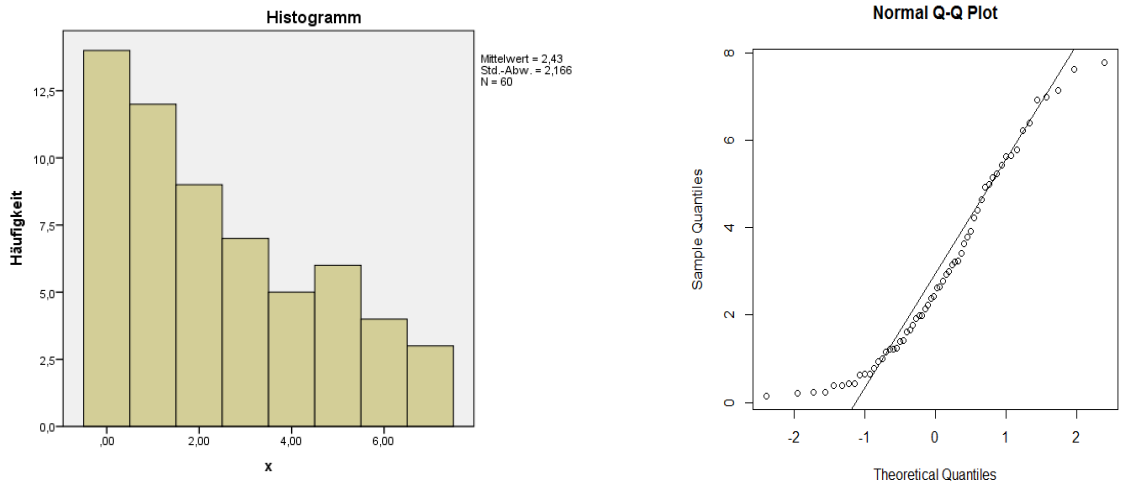
$$\text{Anzahl Intervalle} \sim \sqrt{n}$$

Aber auch dabei ist Vorsicht geboten, insbesondere wenn wie in SPSS gnadenlos die gewünschte Intervallzahl produziert wird: Bei diskreten (also nicht-stetigen) Merkmalen sollten alle Intervalle dieselbe Anzahl von Mermalsausprägungen, also dieselbe Intervallbreite haben. Andernfalls zeigt das Histogramm ein verzerrtes Verteilungsbild. In R wird bei `hist(x,breaks=k,..)` diese Regel automatisch beachtet. In SPSS sollte die Intervallzahl anstatt über „Anzahl der Intervalle“ besser über die „Intervallbreite“ gesteuert werden.

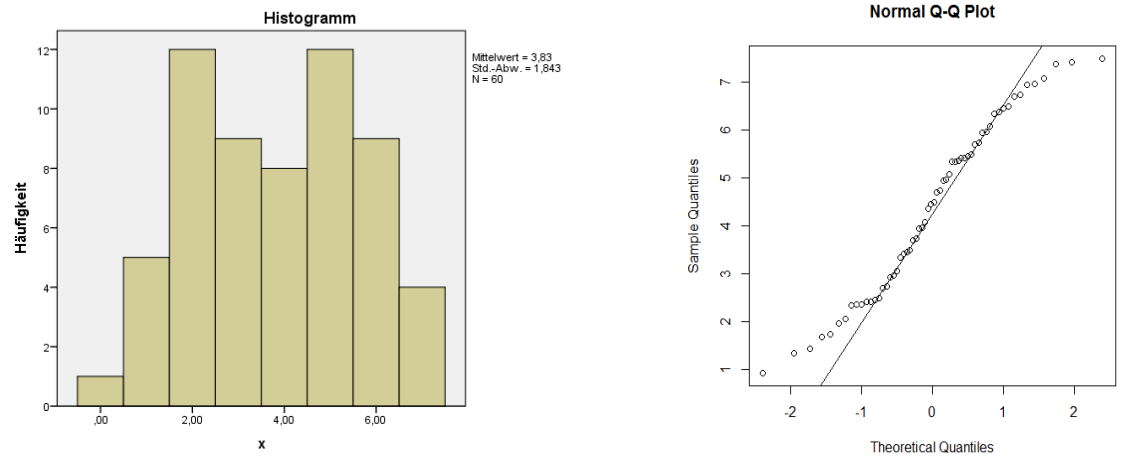
Bei den *normal probabilty Plots*, oder allgemein bei den *Quantile-Quantile-Plots*, kurz *Q-Q-Plots* genannt (vgl. http://en.wikipedia.org/wiki/Normal_probability_plot), wird die empirische (kumulative) Verteilung mit der theoretischen, hier der Normalverteilung, verglichen. Üblicherweise ist die empirische Stichprobenverteilung y und die theoretische x. Leider ist das bei

SPSS genau umgekehrt. Dabei wird zu jedem beobachteten Wert das Quantil y ermittelt und mit dem Quantil x der Vergleichsverteilung als Punkt eingezeichnet. Im Idealfall liegen also die Punke auf einer Geraden. Im Gegensatz zu den Histogrammen sind diese Grafiken unabhängig von Intervalleinteilungen, die möglicherweise ein Bild „verzerren“ können.

Aber sowohl die Interpretation von Histogrammen auch der Q-Q-Plots bedarf ein wenig Erfahrung. Die wichtigsten Kennzeichen einer Normalverteilung sind Symmetrie und Eingipfligkeit. Nachfolgend werden einige typische Verteilungsformen aufgezeigt, die zum Teil nicht mehr als normal eingestuft werden können. Das Ergebnis des Shapiro-Wilk-Tests, alle basierend auf einem n=60 , wird zur Verdeutlichung ebenfalls angegeben:



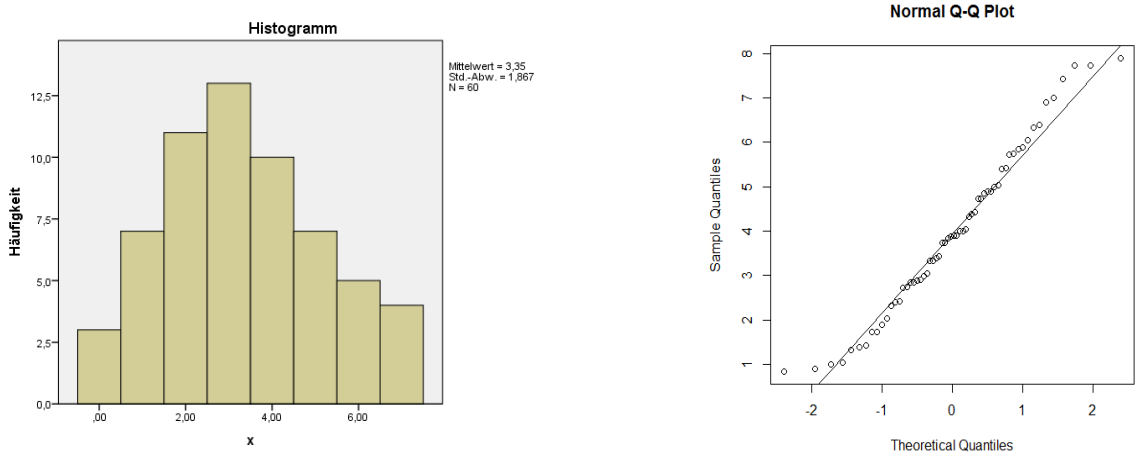
stark rechtsschiefe Verteilung (W=0.894 - p=0.001)



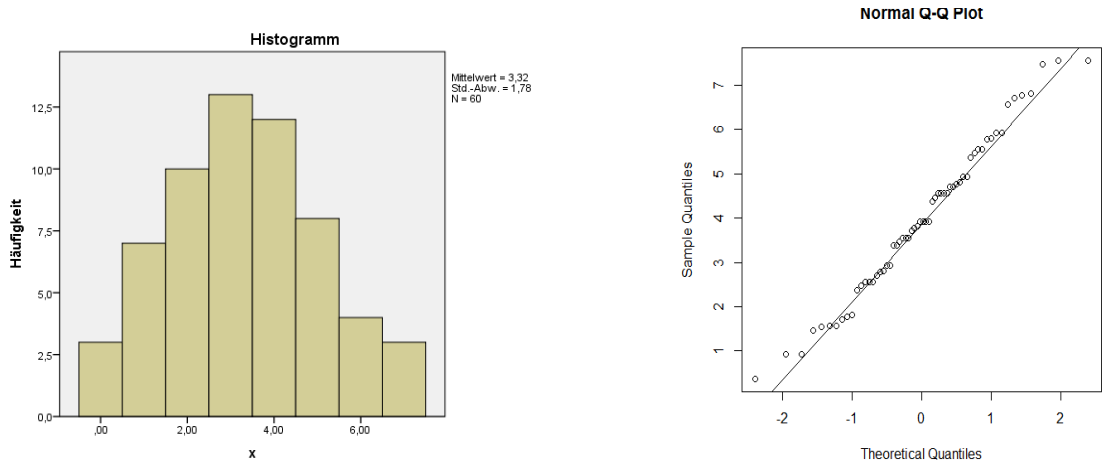
zweigipflige Verteilung (W=0.944 - p=0.008)

Während die beiden ersten Beispiele eher krasse Fälle von nichtnormalverteilten Werten darstellen, wird manch einem kaum ein Unterschied zwischen den letzten beiden Histogrammen auffallen, die immerhin unterschiedliche Resultate aufweisen. Das rechte ist deutlich symmetrischer und daher eher als normalverteilt zu akzeptieren.

.



leicht rechtsschiefe Verteilung (W=0.955 - p=0.027)



(fast) normale Verteilung (W=0.962 - p=0.056)

1. 7 Prüfung von Voraussetzungen

Eine Warnung soll dieses Kapitel beenden. Am Thema „Prüfung von Voraussetzungen“ scheiden sich nämlich die Gemüter. Es wird nicht uneingeschränkt empfohlen, generell alle Voraussetzungen der parametrischen Anova zu prüfen. Der Grund: Zum einen sind die Prüfverfahren selbst unzuverlässig, d.h. sie können sowohl eine Abweichung von einer Voraussetzung anzeigen, obwohl diese gar nicht gegeben ist, als auch umgekehrt. Zum anderen haben diese Prüfverfahren wiederum Voraussetzungen, die nicht selten schärfer sind als die des eigentlichen Verfahrens, also hier der Varianzanalyse. Dagegen kann man sich, zumindest in beschränktem Maße, auf die Robustheit der Varianzanalyse verlassen. Vor diesem Hintergrund hatte Box (1953) den inzwischen vielfach zitierten Satz geschrieben:

> *To make a preliminary test on variances is rather like putting to sea in a row boat to find out whether conditions are sufficiently calm for an ocean liner to leave port!*

Diese Problematik wird z.B. von Erceg-Hurn & Mirosevich (2008) behandelt, wo auch einige Beispiele dazu zu finden sind.

2. Nichtparametrische Varianzanalysen - Übersicht der Methoden

Nichtparametrische Varianzanalysen werden in der Regel angewandt, wenn die Voraussetzungen für die parametrische Analyse nicht gegeben sind, d.h. wenn die abhängige Variable entweder metrisch ist aber die Voraussetzungen „Normalverteilung der Residuen“ sowie „Varianzhomogenität“ nicht ausreichend erfüllt sind, oder aber wenn die abhängige Variable ordinales oder dichotomes Skalenniveau hat. Allerdings kann die Varianzanalyse als robustes Verfahren i.a. einige Abweichungen von den idealen Voraussetzungen vertragen. (Mehr dazu in den Kapiteln 4.1 und 5.2.) Darüber hinaus gibt es auch *semiparametrische* Verfahren, eine Mischform aus parametrischem und nichtparametrischem Modell, z.B. wenn an die Verteilung der abhängigen Variablen keine Bedingungen gestellt werden, aber eine Form der Varianzhomogenität vorausgesetzt wird. Während beim parametrischen Modell die abhängige Variable genau ein Verteilungsmodell annimmt, können beim nichtparametrischen Ansatz quasi beliebige Verteilungsformen auftreten. Und so ist es nicht verwunderlich, dass man praktisch für jedes Verfahren eine Verteilungsform für die abhängige Variable finden kann, so dass die Ergebnisse unbefriedigend sind: von der Verletzung des α-Risikos bis zu übermäßig konservativen Tests. Dies haben zahlreiche Simulationen gezeigt. Sogar Wikipedia widmet diesem Thema einen eigenen Artikel. Insofern ist es in der Praxis wenig hilfreich, die Voraussetzungen für die nichtparametrischen Verfahren allzu penibel zu überprüfen.

Andererseits sind viele geneigt, „voreilig“ eine nichtparametrische anstatt der klassischen Varianzanalyse durchzuführen, z. B. weil das Skalenniveau der abhängigen Variablen ordinal ist oder die Varianzen der einzelnen Zellen möglicherweise ungleich sind. Hiervor muss eindringlich gewarnt werden. So schrieb z.B. Zimmerman (1998) „*It came to be widely believed that nonparametric methods always protect the desired significance level of statistical tests, even under extreme violation of those assumptions*“. So es gibt z.B. zahlreiche Studien, die belegen, dass nichtparametrische Analysen nicht mit schiefen Verteilungen umgehen können, die auch nur leicht inhomogene Varianzen haben (vgl. z.B. G. Vallejo et al., 2010, Keselman et al., 1995 and Tomarken & Serlin, 1986). Dabei sind Varianzquotienten max(var)/min(var) von etwa 2 gemeint, was als normal anzusehen ist. Also:

Nichtparametrische Verfahren sind kein Allheilmittel für den Fall, dass irgendwelche Voraussetzungen nicht erfüllt sind. Für diese Art von Varianzanalysen müssen ebenso wie bei der parametrischen Voraussetzungen beachtet werden.

Neben den hier im Vordergrund stehenden „echten“ nichtparametrischen Verfahren darf nicht vergessen werden, dass es auch eine Reihe von robusten Tests für den Fall inhomogener Varianzen gibt, die vorzugsweise dann angewandt werden können und sollten, wenn die abhängige Variable metrisch ist, aber keine Varianzhomogenität vorliegt. Die Methoden werden in späteren Kapiteln vorgestellt. Darüber hinaus gehören auch in diesen Kontext varianzanalytische Methoden für dichotome Merkmale, worauf später in Kapitel 7 kurz eingegangen wird.

Die wichtigsten Methoden werden im Folgenden kurz vorgestellt. Salazar-Alvarez et al. (2014) geben einen guten Überblick der nichtparametrischen Methoden zur mehrfaktoriellen Varianzanalyse. Eine leicht verständliche Einführung in diese Methoden bieten Erceg-Hurn & Mirosevich (2008).

Welche Ansätze (Methoden) gibt es überhaupt? Dabei geht es im Wesentlichen um solche, die asymptotische Tests verwenden, also etwa für $n > 20$ (mit n Gesamtzahl der Beobachtungen), wobei die Fallzahl bei abhängigen Stichproben durchaus geringer sein kann. Seit 1990 sind eine

Vielzahl von neuen Methoden zur nichtparametrischen Datenanalyse entwickelt worden, von denen nur die „wichtigsten“ hier erwähnt werden können. Dabei stehen solche im Vordergrund, die sich leicht mit Standardsoftware wie SPSS durchführen lassen. Trivialerweise lassen sich alle Verfahren in R (und natürlich S-Plus) realisieren.

Entscheidend für die Beurteilung eines Verfahrens ist das Verhalten hinsichtlich der Fehler 1. Art (*Irrtumswahrscheinlichkeit* α) und 2. Art (β, aber meistens über die *Power* 1-β beurteilt). Dabei geht es um die Frage, in wieweit das vorgegebene α eingehalten wird, bzw. in wieweit ein vorhandener Effekt nachgewiesen werden kann. Beide Fehler sind nicht unabhängig voneinander: Ein in einer bestimmten Situation, etwa bei inhomogenen Varianzen, liberaler Test wird auf der einen Seite das α-Risiko verletzen, aber auf der anderen Seite in derselben Situation eine große Power zeigen. Umgekehrt wird ein konservativer Test meistens weniger irrtümlich falsche Signifikanzen ausweisen, dafür aber seltener einen tatsächlich vorhandenen Effekt nachweisen. Ein und derselbe Test kann in der einen Situation liberal, in einer anderen Situation konservativ reagieren.

Sofern nicht anders erläutert seien im Folgenden n die Anzahl der Merkmalsträger (Versuchspersonen), I die Anzahl der Gruppen, bzw J die Anzahl der Messwiederholungen sowie x_{im} die beobachteten Werte mit m=1,...,n , und i=1,...,I sowie j=1,...,J.

2. 1 Kruskal-Wallis und Friedman

Die klassischen nichtparametrischen Varianzanalysen sind die 1-faktoriellen Analysen mit den Tests von Kruskal & Wallis im Fall von unabhängigen Stichproben sowie dem von Friedman im Fall von abhängigen Stichproben (Messwiederholungen). Diese sind in (fast) allen gängigen Lehrbüchern ausführlich beschrieben. Beim Kruskal & Wallis-Test werden die x_{im} über alle Gruppen hinweg in Ränge R_m (m=1,..,n), sog. Wilcoxon-Ränge, transformiert und daraus eine χ^2-verteilte Testgröße errechnet, über die die Gleichheit der Mittelwerte geprüft wird. Beim Friedman-Test werden für jeden Merkmalsträger i die x_{im} in Ränge R_{jm} (j=1,..,J), sog. Friedman-Ränge, transformiert und daraus eine χ^2-verteilte Testgröße errechnet, über die die Gleichheit der Mittelwerte geprüft wird.

Die asymptotische Effizienz des Kruskal-Wallis-Tests (*K-W-Test*) liegt bei 0.955, die des Friedman-Tests bei 0.955**J*/(*J*+1), also z.B. 0.64 (für *J*=2) und 0.87 (für *J*=10), wobei *J* die Anzahl der Gruppen (Versuchsbedingungen) ist. D.h. für große Stichproben ist der K-W-Test kaum schlechter als die parametrische Varianzanalyse.

Vielfach ist zu lesen, dass der Kruskal-Wallis-Test nicht nur auf Mittelwertunterschiede der zu vergleichenden Stichproben, sondern verschiedentlich auch auf Unterschiede der Streuung und Schiefe anspricht (vgl. Wilcox, 2003). Andere Autoren teilen dagegen nicht diese Bedenken (vgl. Marascuilo & McSweeney, 1977). Vargha & Delaney (1998) haben dieses Problem ausführlich untersucht und kommen zu dem Schluss, dass ein geringes Risiko besteht, dass der Test im Falle inhomogener Varianzen das α-Risiko leicht verletzt, also auch darauf anspricht. Daher wird auch vielfach die gleiche Verteilungsform in allen Gruppen gefordert. Eine robuste Variante dieses Tests wurde von Brunner, Dette und Munk (vgl. Kapitel 2.13) entwickelt.

Der Friedman-Test hat dazu im Vergleich eine geringe Effizienz. Iman und Davenport (1976) haben den χ^2-Wert des Friedman-Tests in einen F-Wert transformiert:

$$F = \frac{(n-1)\chi^2}{n(J-1)-\chi^2} \qquad (2 - 1)$$

wobei *n* die Anzahl der Merkmalsträger ist. Dieser F-Wert mit *J*-1 Zähler-FG und (*J*-1)(*n*-1) Nenner-FG hat deutlich bessere Eigenschaften und verleiht dem Friedman-Test eine etwas höhere Effizienz. Für die Tests von reinen Messwiederholungseffekten bei mehrfaktoriellen Analysen, d.h. von Haupteffekten oder Interaktionen von Messwiederholungsfaktoren, ist oben (*J-1*) durch die Zählerfreiheitsgrade des Tests zu ersetzen.

Die Anwendung dieser Korrektur erübrigt sich selbstverständlich, wenn der χ^2-Wert bereits als signfikant ausgewiesen worden ist. Wie auch die Beispiele in den Kapiteln 5 und 6 zeigen, sollte man von dieser Korrektur nicht zu viel erwarten.

Es sei noch erwähnt, dass es eine analoge Umrechnung des χ^2-Werts des Kruskal-Wallis-Tests in einen F-Wert von Iman und Davenport gibt (vgl. Conover & Iman, 1981). Die ist dann allerdings mit dem F-Test des RT-Verfahrens (siehe nächstes Kapitel) identisch.

Eine Erweiterung dieser Verfahren auf mehrfaktorielle Versuchspläne erfolgt in Kapitel 2.5. Dort wird auch kurz gezeigt, dass sich die Verfahren von Kruskal & Wallis sowie von Friedman auf die „klassische“ Varianzanalyse zurückführen lassen.

2. 2 Rank transform Tests (RT)

Dies sind klassische Anova-F-Tests angewandt auf Rangdaten. D.h. alle Werte der abhängigen Variablen, über Gruppen und Messwiederholungen hinweg, werden in Ränge 1,...,*n*I*J* umgerechnet, bevor dann eine parametrische Varianzanalyse mit F-Tests durchgeführt wird. Das Verfahren wurde 1981 von Conover & Iman (1981) vorgeschlagen und galt lange als eine brauchbare Lösung, bis in den 90er Jahren Simulationen einige Schwächen aufzeigten. So wird u.a. eine Verletzung des α-Risikos für den Test der Interaktion berichtet, wenn zugleich signifikante Haupteffekte bestehen (vgl. u.a. Toothaker and De Newman, 1994). Der Grund dafür: die Additivität der Haupt- und Interaktionseffekte, d.h. die Unabhängigkeit der Tests, bleibt bei der Rangtransformation nicht erhalten (vgl. Beasley & Zumbo, 2009). Auf der anderen Seite konnten Hora und Iman (1984) sowohl theoretisch als auch durch Simulationen zeigen, dass zum einen die Tests der Haupteffekte in jedem Fall asymptotisch, d.h. für größere *n*, valide sind, d.h. dass das Risiko für den Fehler 1. Art konsequent eingehalten wird, und zum anderen diese Tests stärker sind als die klasssischen Tests von Kruskal-Wallis und Friedman oder auch als der von Quade.

Der Reiz dieser Methode liegt in der Einfachheit. Sie ist auch empfehlenswert, solange nicht eine Interaktion als signifikant ausgewiesen wird und zugleich mindestens ein Haupteffekt signifikant ist.

2. 3 Inverse normal transform (INT)

Eine Verbesserung der o.a. RT-Methode bringt die *inverse Normalverteilungs-Transformation* (*inverse normal transform*, INT). Bei dieser werden die oben erzeugten gleichverteilten RT-Werte R_i in (standard-) normalverteilte Scores umgerechnet:

$$\Phi^{-1}(R_i/(n+1)) \qquad (2 - 2)$$

wobei Φ die Standardnormalverteilung und *n* die Anzahl aller Werte insgesamt ist. (Diese Division durch *n*+1 ist erforderlich, um den Wertebereich 1...n in das Intervall 0...1 zu transformieren.) Wie bei der o.a. RT-Methode werden dann für die transformierten Werte (*normal scores*) die klassischen F-Tests durchgeführt. Von dieser Transformation gibt es mehrere Vari-

anten, die sich im Wesentlichen auf eine Formel zurückführen lassen:

$$\Phi^{-1}((R_i - c)/(n + 1 - 2c)) \qquad (2 - 3)$$

Die o.a. zuerst aufgeführte, vielfach als *normal score test* bezeichnete Variante, erhält man z.B. über c=0. Huang (2007) hat mittels Simulationen gezeigt, dass bei Verwendung dieser Methode (im Gegensatz zur RT-Methode) das α-Risiko auch für die Interaktionen nicht verletzt wird. Zu einem ähnlichen Ergebnis kommen Mansouri und Chang (1995). Unbestritten ist die vergleichsweise hohe Teststärke. Eine ausführliche Darstellung dieser Methoden ist bei Beasley, Erickson & Allison (2009) zu finden. Allerdings zeigen Letztere Beispiele auf, bei denen dennoch das α-Risiko leicht verletzt wird.

Das INT-Verfahren geht u.a. auf van der Waerden in den 50er-Jahren zurück (vgl. Kapitel 2.7). Es ist zuletzt durch die Analyse von Gendaten wieder aktuell und beliebt geworden, da es auf der einen Seite ähnlich leicht wie das RT-Verfahren zu rechnen ist und auf der anderen Seite die falsch signifikanten Testergebnisse weitgehend vermeidet und zudem noch eine hohe Effizienz hat.

2. 4 Aligned rank transform (ART)

Eine andere Methode, die bei der o.a. RT-Methode möglichen fälschlich signifikanten Interaktionen zu vermeiden, wenn zugleich signifikante Haupteffekte vorliegen, bieten die *aligned rank transforms* oder auch *aligned rank tests* (ART). Das Verfahren ist anwendbar sowohl für Haupt- als auch für Interaktionseffekte. Es werden hierbei zunächst die Daten bzgl. der „störenden“ Effekte, z.B. der Haupteffekte im Fall der Analyse einer Interaktion, bereinigt. Hierzu gibt es zwei Methoden, eine einfache und eine etwas aufwändigere, die jedoch zu demselben Ergebnis führen.

- Der *naive approach* (ART1): Zunächst werden von der Kriteriumsvariablen die „störenden“ Effekte subtrahiert, z.B. die Haupteffekte der Faktoren, die an der untersuchten Interaktion beteiligt sind. Für den Test der Interaktion wird also anstatt *x* die Variable $x_{ijm} - \alpha_i - \beta_j$ untersucht, oder mit den Werten der Stichprobe:
  $$x'_{ijm} = x_{ijm} - \bar{a}_i - \bar{b}_j + 2\bar{x} \qquad (2 - 4)$$
  wobei $\bar{a}_i$, $\bar{b}_j$, $\bar{x}$ die Gruppenmittelwerte bzgl. der Faktoren A und B bzw. der Gesamtmittelwert sind.
- Der *standard approach* (ART2): Zunächst wird eine komplette Varianzanalyse der Kriteriumsvariablen (mit allen Effekten) durchgeführt. Zu den daraus resultierenden Residuen wird der untersuchte Effekt addiert, z.B. der Interaktionseffekt, als Differenz von Zellen- und Gruppenmittelwerten. Für den Test der Interaktion wird also anstatt *x* die Variable
  $$x'_{ijm} = e_m + (\overline{ab}_{ij} - \bar{a}_i - \bar{b}_j + 2\bar{x}) \qquad (2 - 5)$$
  untersucht, wobei e_m die Residuen des kompletten varianzanalytischen Modells, $\bar{a}_i$, $\bar{b}_j$, $\overline{ab}_{ij}$, $\bar{x}$ die Mittelwerte der Faktoren A und B bzw. der Gesamtmittelwert sind.

Die Ergebnisvariable wird anschließend in Ränge umgerechnet und dann wie bei dem RT-Verfahren weiter analysiert, um die Interaktion zu testen.

Dieses Verfahren wird daher auch mit RAA (*ranking after alignment*) bezeichnet. Das Verfahren geht auf Hodges & Lehmann (1962) zurück und wurde von Higgins & Tashtoush (1994) populär gemacht. Neben den beiden o.a. Methoden gibt es inzwischen noch eine Vielzahl weiterer Varianten von ART. So wurden u.a. von Peterson (2002) Alignments (Korrekturen) mittels robuster Mittelwerte wie Median oder getrimmer Mittelwerte anstatt des arihmetischen

Mittels vorgeschlagen. Diverse Untersuchungen zeigten jedoch, dass diese Varianten eher schlechtere als bessere Ergebnisse aufweisen (vgl. z.B. Toothaker & De Newman, 1994).

Für die Datentransformation wird ein spezielles Programm (*ARTool*) angeboten (vgl. Wobbrock, 2011), das Microsoft .NET 2.0 Framework voraussetzt. Die transformierten Daten können dann mit einem Standardprogramm wie SPSS analysiert werden.

Das ART-Verfahren kann aber auch mit ein wenig Aufwand ohne Zusatzsoftware in R oder SPSS angewandt werden, wie die Beispiele in den nachfolgenden Kapiteln demonstrieren. Für R gibt es auch das Paket `ARTool` , allerdings nicht für Designs mit Messwiederholungen. Im Wesentlichen müssen Aggregatdaten wie Mittelwerte ermittelt werden, die in die Berechnungen einfließen. Es sei ausdrücklich darauf hingewiesen, dass der Aufwand des ART- gegenüber dem RT-Verfahren nicht generell erforderlich ist, um falsch signifikante Ergebnisse zu vermeiden. Lediglich in dem Fall, dass eine Interaktion als signifikant ausgewiesen wird und zugleich mindestens ein Haupteffekt signifikant ist, sollte für die untersuchte Variable das ART-Verfahren angewandt werden. Dennoch werden bei den Beispielen in diesem Skript meistens auch Alignments für die Haupteffekte durchgeführt, allerdings nur zu Demonstrationszwecken.

Das ART-Verfahren kann aber nicht empfohlen werden, da es eine Reihe von Situationen gibt, in denen es das α-Risoko krass verletzt, so u.a. in den Fällen

- heterogener Varianzen (vgl. z.B. Leys & Schumann, 2010, and Carletti & Claustriaux, 2005),
- stark schiefer Verteilungen wie der Exponential-Verteilung (vgl. Lüpsen, 2016b),
- diskreter abhängiger Variablen, insbesondere bei größeren *n* (vgl. Lüpsen, 2016a),
- von Tests der Haupteffekte bei größeren *n* (vgl. Lüpsen, 2016c).

Gerade der dritte Punkt ist gravierend, da somit die Anwendung bei ordinalen Variablen ausscheidet, insbesondere bei einer geringeren Anzahl von Ausprägungen, etwa <10. Bei zahlreichen Untersuchungen schneidet das ART-Verfahren relativ gut ab. Das liegt zum Teil aber daran, dass meistens die o.a. kritischen Punkte unberücksichtigt blieben.

2. 5 Kombination von Aligned rank transform und Inverse normal transform (INT+ART)

Mansouri & Chang (1995) schlugen eine Kombination aus den beiden vorigen Verfahren vor: Zuerst die Transformation der Werte nach dem ART-Verfahren, dann die Umrechnung der erhaltenen Ränge in normal scores nach dem INT-Verfahren. Hierbei ist es sinnvoll, alle Tests, also auch für die Haupteffekte, nach dieser Methode durchzuführen. So wie die Transformation in normal scores die teilweise zu hohe Fehlerrate 1. Art für die RT-Methode abmildert, so verkleinert auch hier die Transformation in normal scores die häufig zu hohen Fehlerraten der ART-Methode. Dies berichten u.a. Carletti & Claustriaux (2005) sowie Lüpsen (2016c). Die Anwendung der INT-Transformation führt übrigens auch zu einer deutlichen Vergrößerung der Power.

Daher gilt die Empfehlung: Wenn die ART-Technik angewandt werden soll, dann auf jeden Fall zusammen mit der INT-Transformation. Dennoch kann Letztere nicht im Fall diskreter abhängiger Variablen helfen. Und bei stark schiefen Verteilungen bringt sie zwar deutliche Verbesserungen der Fehlerrate, aber leider bleiben Situationen, wo das α-Risiko verletzt wird, nämlich beim Test von Haupteffekten im Fall von ungleichen Zellenbesetzungszahlen für $n>20$ (vgl. Lüpsen, 2016c).

2. 6 Puri & Sen-Tests (Verallgemeinerte Kruskal-Wallis- und Friedman-Analysen)

Bei den Puri & Sen-Tests werden ebenfalls alle Werte wie beim Kruskal & Wallis-Test oder beim o.a. RT-Verfahren zunächst in Ränge umgerechnet, bevor dann eine klassische Varianzanalyse durchgeführt wird. Allerdings wird dann anstatt des F-Tests ein χ^2-Test durchgeführt, auch *L statistic* genannt. Bei Versuchsplänen ohne Messwiederholungen sind dies Verallgemeinerungen des Kruskal & Wallis-Tests. Im Fall von Messwiederholungen gibt es noch eine andere Art der Transformation in Ränge, die zwar etwas komplizierter ist, dafür aber eine Verallgemeinerung des Friedman-Tests beinhaltet (KWF-Verfahren). Die Testgröße errechnet sich im Fall von Versuchsplänen ohne Messwiederholungen als

$$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{total}} \qquad (2 - 6a)$$

bzw. für Gruppierungsfaktoren im Fall von Versuchsplänen mit Messwiederholungen als

$$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{zwischen}} \qquad (2 - 6b)$$

bzw. im Fall von Messwiederlungsfaktoren als

$$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{(SS_X + SS_{Fehler})/(df_X + df_{Fehler})} \qquad (2 - 7)$$

wobei

- SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (Sum of Squares) des zu testenden Effektes,
- MS_{total} die Gesamtvarianz (Mean Square),
- $MS_{zwischen}$ die Varianz (Mean Square) zwischen den Versuchspersonen,
- SS_X die Summe der Streuungsquadratsummen (Sum of Squares) aller Haupt- und Interaktionseffekte, die denselben Fehlerterm haben wie der zu testende Effekt,
- $MS_{innerhalb}$ die Varianz (Mean Square) innerhalb der Versuchspersonen und
- SS_{Fehler} die Streuungsquadratsumme des zum getesteten Effekt gehörenden Fehlers ist.

Alle *SS* und *MS* können aus den üblichen Anova-Tabelle abgelesen werden. Falls nur ein Messwiederholungsfaktor vorliegt, entspricht der Nenner in 2-7 der Varianz $MS_{innerhalb}$. Als Freiheitsgrade für den χ^2-Test nimmt man die Zählerfreiheitsgrade aus der Varianzanalyse. Für die Haupteffekte ergibt dies die Tests der bekannten nichtparametrischen Anova von Kruskal-Wallis bzw. Friedman.

Diese Methode gilt als relativ konservativ, insbesondere für mehrfaktorielle Versuchspläne. Dies ist aus der o.a. Berechnung leicht zu erklären: Bei den F-Tests der parametrischen Varianzanalyse reduziert die Streuung der anderen Faktoren die Fehlervarianz und vergrößert somit den F-Wert (vgl. dazu Kapitel 4.3.1.3). Hier gilt dies nicht: Die Streuung der anderen Faktoren verkleinert nicht die Gesamtstreuung MS_{total} bzw. $MS_{innerhalb}$, die im Nenner steht. Somit hat dieser Test weniger Power als solche, die über den F-Test geprüft werden, und dies umso stärker wie andere Effekte signifikant sind. Auf der anderen Seite gibt es auch hier Situationen, in denen das α-Risiko verletzt wird, obwohl die Methode als konservativ gilt, nämlich solche mit heterogenen Varianzen. Dafür kann dieses Verfahren aber bedenkenlos auf ordinale Merkmale angewandt werden. Positiv ist noch zu bemerken, dass im Fall von Messwiederholungen nicht

die sonst kritische Spherizität der Kovarianzmatrizen bzw. deren Homogenität gefordert wird, da hier χ^2-Tests anstatt F-Tests verwendet werden.

Der Ansatz geht in die 60er Jahre zurück auf Bennett (1968), wurde von Scheirer, Ray & Hare (1976) sowie Shirley (1981) erweitert und schließlich von Puri & Sen (1985) systematisch dargestellt. Eine gut verständliche Beschreibung bieten Thomas et al. (1999). Das Verfahren ist in der Literatur auch als *L-Statistik* von Puri & Sen bekannt. Die 1-faktorielle Analyse ist auch bei Winer (1991) nachzulesen. Diese Tests werden im Folgenden mit Puri & Sen-Tests bezeichnet.

Die Umsetzung in R bzw. SPSS ist natürlich nicht ganz so simpel wie bei den RT- und INT-Verfahren. In der Regel genügt die Erzeugung einer neuen rangtransformierten Variablen. Allerdings müssen bei Messwiederholungen die Ränge nach dem Friedman-Verfahren, also fallweise, ermittelt werden, was insbesondere bei SPSS zusätzlichen Aufwand erfordert, nämlich die Umstrukturierung der Datenmatrix. Bei zwei oder mehr Messwiederholungsfaktoren wird der Aufwand allerdings größer. Hinzu kommt die Durchführung der χ^2-Tests, die insbesondere in SPSS mit dem Taschenrechner erfolgen muss.

2. 7 van der Waerden

Die Methode von van der Waerden (vgl. Wikipedia) vereinigt gewissermaßen die INT-Methode sowie die Verfahren von Kruskal & Wallis und Friedman bzw. das o.a. Puri & Sen-Verfahren. Van der Waerden hat das Verfahren als 1-faktorielle Varianzanalyse für unabhängige Stichproben entwickelt: Zunächst werden wie bei der INT-Methode die normal scores errechnet. Auf diese wird dann der χ^2-Test wie beim Kruskal-Wallis-Test angewandt, z.B. in der Berechnung wie bei (2-4). Mansouri und Chang (1995) haben das Verfahren auf mehrfaktorielle Versuchspläne verallgemeinert. Dieses funktioniert dann so, dass die Puri & Sen-Tests auf die normal scores anstatt der Ränge angewandt werden. Marascuilo und McSweeney (1977) haben analog einen Test für abhängige Stichproben konstruiert, allerdings nur für einen Messwiederholungsfaktor. Lüpsen hat das Verfahren für gemischte Versuchspläne erweitert. Allerdings ist das Verfahren bislang noch nicht auf Versuchspläne mit mehreren Messwiederholungsfaktoren anwendbar. Allgemein werden die Effekttests mittels χ^2-Tests wie beim Puri & Sen-Verfahren errechnet, lediglich mit anders transformierten *y*-Werten.

Der Test hat bei 1-faktoriellen Varianzanalysen für unabhängige Stichproben eine asymptotische Effizienz von 1, ist also der parametrischen Varianzanalyse ebenbürtig, und ist im Fall, dass die Voraussetzungen der klassischen Varianzanalyse nicht erfüllt sind, ihr deutlich überlegen (vgl. Sheskin (2004), der sich auf Conover sowie Marascuilo & McSweeney (1977) bezieht). Bedingt durch das rechnerische Vorgehen leidet zunächst einmal das Verfahren an demselben konservativen Verhalten wie die Puri & Sen-Methode. Allerdings ist es auch wieder die Anwendung der INT-Transformation, die zum einen die erhöhten Fehlerraten bei heterogenen Varianzen abschwächt und zum anderen dem Test eine deutlich höhere Teststärke verleiht, insbesondere bei nicht allzu kleinen $n>10$. Positiv ist noch zu bemerken, dass im Fall von Messwiederholungen nicht die sonst kritische Spherizität der Kovarianzmatrizen bzw. deren Homogenität gefordert wird, da hier χ^2-Tests anstatt F-Tests verwendet werden. Dadurch ist der v.d.Waerden-Test das allgemein empfehlendswerteste nichtparametrische Verfahren.

Der Aufwand ist exakt derselbe wie bei den im vorigen Kapitel skizzierten verallgemeinerten Kruskal-Wallis- und Friedman-Analysen mit Puri & Sen-Tests.

2. 8 Bredenkamp Tests - bifaktorieller H-Test

Schon 1974 entwickelte Bredenkamp (1974) eine Verallgemeinerung der Tests von Kruskal-Wallis und Friedman auf 2-faktorielle Analysen. Die Idee dazu stammte von Lemmer & Stoker (1967) und wird mit *bifactorial H-test* bezeichnet. Und zwar wird unter Ausnutzung der Additivität der χ^2-Werte die Interaktion auf mehrere 1-faktorielle Analysen zurückgeführt. Dazu wird ein einfaktorieller Test über alle Zellen hinweg durchgeführt und anschließend vom resultierenden χ^2-Wert die χ^2-Werte der Haupteffekte subtrahiert. Die Methode lässt sich auch auf mehr als zwei Faktoren erweitern. Das Verfahren lässt sich ohne Aufwand mit Standardsoftware durchführen. Diese Methode ist mit dem Puri & Sen-Verfahren identisch, ist allerdings zum einen nur für balancierte Versuchspläne gültig, und zum anderen bei mehrfacher Messwiederholung falsch. Die Tests sind auch ausführlich beschrieben bei Lienert (1981, S. 1024 ff).

2. 9 Akritas, Arnold & Brunner ATS Tests

Akritas, Arnold und Brunner stellen ein anderes Modell mit beliebigen Verteilungen vor, das nicht einfach auf einer Umrechnung der Werte in Ränge basiert (vgl.Akritas, Arnold & Brunner, 1997), gut verständlich dargestellt von Brunner & Munzel (2013).

Ein Begriff, der bei diesem Verfahren eine wichtige Rolle spielt, ist der *relative Effekt*. Er dient zur Unterscheidung zwischen zwei Verteilungen, etwa den Zufallsvariablen X_1 und X_2. Der relative Effekt von X_2 zu X_1ist definiert als $p^+ = P(X_1 \le X_2)$, d.h. durch die Wahrscheinlichkeit, dass X_1 kleinere Werte annimmt als X_2. Dabei hat X_1 eine stochastische Tendenz zu größeren Werten als X_2, falls $p^+ < 1/2$ und eine stochastische Tendenz zu kleineren Werten, falls $p^+ > 1/2$ ist. Detaillierte Ausführungen hierzu sind bei E. Brunner & U. Munzel (2002) zu finden.

Trotz des anderen Ansatzes mit beliebigen Verteilungen resultieren dann doch im Wesentlichen ähnliche F-Quotienten wie bei Rank transform Tests. Allerdings werden sehr viel differenziertere Freiheitsgrade verwendet. Wegen der Ähnlichkeit zu den F-Tests der Anova werden sie ATS (*Anova type statistic*) genannt. Parallel zu den ATS bieten die Autoren auch eine weitere χ^2-verteilte Statistik WTS (*Wald type statistic*) an, die aber hier nicht berücksichtigt wird, da die ATS bessere Eigenschaften aufweist. Letztlich werden dabei die relativen (Behandlungs) Effekte p_i, anstatt Mittelwerte, verglichen, mit

$$p_i = (\overline{R}_i - 0,5)/n \qquad (\text{mit } \overline{R}_i = \text{mittlerer Rang und } n = \sum n_i)$$

Dieser Ansatz wird von Munzel & Brunner (2000) auf multivariate Analysen, von Brunner, Munzel & Puri (1999) auf Analysen mit Messwiederholungen sowie von Akritas & Brunner (2003) auf Kovarianzanalysen erweitert. Bei letzteren sind sogar fehlende Werte erlaubt und es gibt Lösungen sowohl für den Fall homogener Varianzen-Kovarianzen (*compound symmetry*) als auch für den allgemeinen Fall. Diese Tests sind ausdrücklich auch für ordinale und dichtotome abhängige Variablen anwendbar. Es sei darauf aufmerksam gemacht, dass es zwei Varianten des ATS gibt: eine semiparametrische (vgl. Formel 5 in Brunner et al, 1997) und eine nichtparametrische (vgl. Formel 14 in Brunner et al, 1997).

Die Autoren attestieren ihnen eine vergleichsweise hohe Effizienz sowie die exakte Einhaltung des α-Niveaus. Negativ wird vermerkt, dass die Tests nicht nur auf Mittelwertunterschiede, sondern auch auf andere Verteilungsunterschiede, insbesondere Streuungsunterschiede ansprechen und somit doch nicht konsequent den Fehler 1. Art unter Kontrolle hält. Richter & Payton (2003) kommen bei einem Vergleich mit dem F-Test zu dem Ergebnis, dass die ATS

sehr konservativ reagiert. Allerdings schnitt die ATS-Methode bei einem Vergleich mit den anderen hier vorgestellten Verfahren vergleichsweise schlecht ab (vgl. Lüpsen, 2016c). Zum einen hat es dieselben Schwächen bei ungleichen Varianzen wie das RT-Verfahren, was die Aussage im vorigen Satz bestätigt, zum anderen hat es in den meisten Situationen die geringste Power der hier besprochenen Methoden. Lediglich in einem Fall ist die ATS-Methode unschlagbar: Bei Versuchsplänen mit ungleichen n_i und ungleichen Varianzen s_i^2 , wenn kleine n_i mit großen s_i^2 gepaart sind.

Für die ATS- und WTS-Verfahren gibt es R-Pakete: `GFD` und `rankFD` (semiparametrisch) bzw. `BDM` (nichtparametrisch) für unabhängige Stichproben sowie `nparLD` für Messwiederholungen. In SPSS sind diese Tests wegen der umfangreichen Matrizenrechnungen nicht durchführbar.

2. 10 Weitere Varianzanalysen für unabhängige Stichproben

An dieser Stelle werden noch zwei Tests erwähnt, für die entsprechende Funktionen zur Anwendung in R über Cran bereitgestellt werden. Da beide jedoch außerordentlich liberal reagieren (vgl. Lüpsen, 2016c), werden sie hier nicht näher vorgestellt. Und von einer Benutzung wird abgeraten.

2. 10. 1 Wilcoxon analysis (WA)

Hettmansperger and McKean (2011) haben eine nichtparametrische Regression, *Wilcoxon Analysis* (WA), entwickelt, bei der die Ränge der Residuen die zentrale Rolle spielen und somit der Einfluss von Ausreißern reduziert wird. Trivialerweise lässt sich der Ansatz auf die Varianzanalyse anwenden. Eine Erweiterung dieser Methode ist die *weighted Wilcoxon technique* (WW), bei der auch die x-Variablen in Ränge transformiert werden. Dieses Verfahren zählt zu den semiparametrischen, da es auf den Parametern der linearen Regression basiert.

Es gibt das R-Paket `Rfit` zur Anwendung dieser Methode in R (vgl. Kloke & McKean, 2012). In einem Vergleich von Lüpsen (2016) zeigte sich allerdings, dass das α-Risiko selbst bei einem Modell ohne Effekte krass überschritten wird. Diese Methode wird daher hier nicht behandelt.

2. 10. 2 Gao & Alvo

Gao & Alvo (2005) haben einen Test für die Interaktion in 2-faktoriellen Versuchsplänen (ohne Messwiederholungen) entwickelt. Es wird ihm zwar eine hohe Power attestiert, allerdings zu Lasten der Kontrolle des Fehlers 1. Art. Der Test steht in der Funktion `interaction.test` aus dem Paket `StatMethRank` zur Vetfügung.

2. 11 Weitere Varianzanalysen für abhängige Stichproben

2. 11. 1 Quade

Der Test von *Quade* (vgl. Wilcox et al., 2013) ist ein globaler Test auf Gleichheit der Mittelwerte bei Messwiederholungen, ähnlich dem Friedman-Test. Er liegt bislang nur als 1-faktorielle Analyse vor.

Die Idee ist folgende: Bei der Rangbildung R_{ij} für die Friedman-Analyse, bei der pro Fall/ Merkmalsträger m ($m=1,...,n$) die Werte $j=1,..., J$ vergeben werden, ist nur eine geringe Differenzierung zwischen den J Gruppen (Messwiederholungen) möglich. Daher wird eine Fallgewichtung Q_m eingeführt, die Fälle mit einem größeren Wertesprektrum bevorzugt. Q_m errechnet sich aus der Spannweite D_m der Werte eines Falls (Differenz von Maximum und

Minimum der x_{mj}), die dann in Ränge umgerechnet wird. Aus beiden Rängen R_{mj} und Q_m zusammen wird dann das Produkt $W_{mj} = Q_m * R_{mj}$ errechnet. Zum Vergleich zweier Gruppen werden schließlich die Rangsummen von W_{mm} verwendet:

$$\Gamma_j = \left(\sum_{m=1}^{n} W_{mj}\right) / (n(n+1)/2)$$

die dann in einen t- oder z-Test umgerechnet werden.

Der Quade-Test hat für $J<6$ eine größere Teststärke als der Friedman-Test und ist daher diesem überlegen (vgl. u.a. Wikipedia). Auf der anderen Seite wird er nicht für ordinal-skalierte Variaben empfohlen. Dieser Test ist in R als `quade.test` sowie im Paket `PMCMRplus` verfügbar.

2. 11. 2 Skillings & Mack

Der Test von Skillings & Mack ist ebenfalls eine Alternative zum Friedman-Test, also für abhängige Stichproben (Messwiederholungen), allerdings für den Fall von fehlenden Werten. Er ist anschaulich beschrieben von Chatfield und Mander (2009). Auch dieses Verfahren liegt bislang nur als 1-faktorielle Analyse vor.

Liegen weder fehlende Werte noch Bindungen vor, so liefern die Tests von Skillings & Mack und von Friedman dieselben Resultate. Im Fall von vielen Bindungen und/oder kleinen Fallzahlen ist dieser Test dem von Friedman leicht überlegen.

Dieser Test ist als Funktion `SkiMack` im Paket `skillings.Mack` sowie als Funktion `skillingsMackTest` im Paket `PMCMRplus`verfügbar. An dieser Stelle sei darauf hingewiesen, dass das in Kapitel 2.8 erwähnte Verfahren von Akritas, Arnold und Brunner in der Version des R-Pakets `nparLD` auch fehlende Werte zulässt.

2. 12 Weitere Varianzanalysen für gemischte Versuchspläne

Eine entscheidende Voraussetzung bei Versuchsplänen mit Messwiederholungen ist die Sphärizität (vgl. Kapitel 5.2). Insbesondere für gemischte Versuchspläne, also solchen mit sowohl Gruppierungs- als auch Messwiederholungsfaktoren, gibt es jedoch Ansätze, diese zu umgehen.

2. 12. 1 Hotelling-Lawley

Neben der „klassischen“ parametrischen Varianzanalyse, die die o.a. Sphärizität voraussetzt, gibt es noch ein anderes parametrisches Verfahren, das auf der multivariaten Varianzanalyse basiert. Allerdings erfordert dieses eine multivariate Normalverteilung der Messwiederholungsvariablen. Dies ist zum einen deutlich mehr als die Normalverteilung aller Variablen, zum anderen auch nur aufwändig zu überprüfen. Die Methode wird in Kapitel 5.2 kurz vorgestellt.

2. 12. 2 Koch

Das Verfahren von Koch (1969) basiert auf dem oben erwähnten Ansatz einer multivariaten Varianzanalyse (vgl. Kapitel 5.2). Dieses wird auf Rangdaten übertragen. Eine R-Funktion wird vom Autor angeboten (vgl. Anhang 3).

2. 12. 3 Beasley & Zumbo

Beasley & Zumbo (2009) haben eine Reihe von Tests für die Interaktion bei gemischten Versuchsplänen zusammengestellt. Neben einigen Verfahren, die relativ aufwändig zu pro-

grammieren sind, sind auch die Interaktion aus dem Puri & Sen- sowie aus dem ART-Verfahren angeführt. Deren Fazit: I.a. ist die ART-Prozedur den anderen vorzuziehen.

2. 13 Varianzanalysen für heterogene Varianzen

2. 13. 1 Welch und Fligner-Policello

Das wohl bekannteste Verfahren stammt von Welch. Er entwickelte einen Zweistichproben- t-Test für ungleiche Varianzen (vgl. Wikipedia). Diesen gibt es auch in einer Version für *K* Gruppen (unabhängige Stichproben), der sowohl in R (Funktion `oneway.test`) als auch in SPSS (Prozedur `Oneway`) verfügbar ist.

An dieser Stelle sollte auch der Test von *Fligner-Policello* erwähnt werden. Dieser ist in gleicher Weise die „Rangversion" des Welch-Tests wie der U-Test von Mann-Whitney die „Rangversion" des t-Tests ist. Diesen Test gibt es allerdings nur für den 2-Stichproben-Vergleich. Er bietet sich an, wenn ein Mittelwertunterschied getestet werden soll, aber möglicherweise zugleich ungleiche Streuungen vorliegen, weil in solchen Fällen der U-Test auch auf ungleiche Streuungen ansprechen kann. Dieser Test ist in R als Funktion `fp.test` im Paket `RVAideMemoire` vorhanden. Es sei darauf aufmerksam gemacht, dass der *Fligner-Killeen*-Test keinen Mittelwertvergleich sondern einen Test auf homogene Varianzen beinhaltet.

2. 13. 2 James 2nd order und Alexander & Govern

Allgemein als beste Tests - hinsichtlich des Fehlers 1. Art sowie der Power - im Fall von inhomogenen Varianzen gelten der von James (1951), genannt 2nd order wegen der Verwendung einer Taylorreihe 2. Ordnung, sowie der von Alexander & Govern (1994). Die Teststatistik des James-Test folgt leider keiner gängigen Verteilung, weswegen diese mühsam approximiert werden muss. Der Test galt lange als „unberechenbar". Alexander & Govern haben eine Vereinfachung dieses Tests entwickelt, die aber als fast genauso gut einzustufen ist. Beide Tests gibt es leider nur in einer 1-faktoriellen Version, allerdings auch als SAS-Macro sowie als R-Funktionen `james.test` bzw. `ag.test` im Package `onewaytests`.

2. 13. 3 Welch & James

Ein weiterer Versuch, den o.a. Test von James berechenbar zu machen, beinhaltet der Test von Welch & James, und zwar in einer Version von Johansen. Er ist beschrieben von Algina & Olejnik (1984), auch für 2-faktorielle Versuchspläne, erfordert allerdings einigen Programmieraufwand. Eine Variante für gemischte Versuchspläne wurde von Keselman, Carriere & Lix (1993) vorgestellt. Derzeit sind sie in den Standardprogrammen nicht verfügbar. Für R werden jedoch beide Varianten als Funktionen vom Autor angeboten (vgl. Anhang 3).

2. 13. 4 Brown & Forsythe

Brown & Forsythe (1974) haben einen F-Test für heterogene Varianzen entwickelt für 1- und 2-faktorielle Varianzanalysen (vgl. auch Anhang 2.2), allerdings nur für Gruppierungsfaktoren. Für 1-faktorielle Analysen ist er auch als Funktion `bf.test` im Paket `onewaytests` sowie in einer verbesserten Version als Funktion `MBF` im Paket `doex`, und in SPSS (Prozedur `Oneway`) verfügbar. Für R wird eine Funktion für 2-faktorielle Varianzanalysen vom Autor angeboten (vgl. Anhang 3). Es sei noch erwähnt, dass es eine Erweiterung dieses Verfahrens für gemischte Versuchspläne gibt, wofür aber keine Funktionen in den gängigen Paketen zur Verfügung stehen (vgl. Vallejo & Escudero, 2000).

2. 13. 5 Brunner, Dette und Munk

Im Zusammenhang mit der Analyse von Kruskal und Wallis wurde oben der Test von Brunner, Dette und Munk (BDM-Test) erwähnt. Er bietet sich an, wenn die Streuungen der Gruppen als unterschiedlich anzusehen sind, da letztlich alle o.a. Methoden auf inhomogene Varianzen reagieren können. Das Verfahren ähnelt dem o.a. von Akritas, Arnold und Brunner, was nicht verwunderlich ist, da dieselben Autoren beteiligt sind, ist aber konservativer. Die Durchführung des Tests ist relativ komplex, da er wie die ATS auf komplexer Matrix-Algebra basiert. Das Verfahren gibt es in einer parametrischen und einer nichtparametrischen Version, z.B. für ordinale Merkmale, und ist von Brunner et al (1997) sowie von Wilcox (2012 und 2013) beschrieben worden. R bietet dafür folgende Pakete: `GFD` für die parametrische Variante (mehrfaktoriell) sowie `asbio` für die nichtparametrische Variante als 1- und 2-faktorielle Varianzanalyse.

Ein anderer Test von *Rust & Fligner* ist ebenfalls in den o.a. Büchern von Wilcox beschrieben. Dieser wird allerdings gegenüber dem oben ertwähnten BDM-Test als weniger empfehlenswert angesehen, insbesondere da er keine Bindungen erlaubt.

2. 13. 6 Box-Korrektur

An dieser Stelle kann auch eine Korrektur der Freiheitsgrade erwähnt werden, die von Box entwickelt wurde (vgl. Winer, 1991). Über solche Korrekturen wird üblicherweise Varianzinhomogenitäten Rechnung getragen. Diese Box-Korrektur ist allerdings als vergleichsweise konservativ einzustufen. Eine entsprechende R-Funktion ist im Anhang 2 zu finden.

2. 14 Logistische Regression

Neben der bekannten logistischen Regression für dichotome Kriteriumsvariablen gibt es auch eine für ordinale Variablen. Unter dem Aspekt, dass die parametrische Varianzanalyse ein Spezialfall der linearen Regression ist, bei der die nominalen Prädiktoren passend kodiert werden, ist es einleuchtend, dass dasselbe Vorgehen auch bei der dichotomen und ordinalen logistischen Regression zu einer Varianzanalyse für dichtomoe bzw. ordinale Kriteriumsvariablen führt. Unter praktischen Aspekten müssen allerdings drei Einschränkungen gemacht werden:

- Erstens ist eine relativ hohe Fallzahl erforderlich,
- zweitens führt das Iterationsverfahren der Maximum-Likelihood-Schätzung nicht immer zum Erfolg, d.h. verschiedentlich gibt es kein Ergebnis, und
- drittens sollte die abhängige Variable nicht zu viele Ausprägungen haben (unter 10).

Das eigentliche Ergebnis der logistischen Regression besteht aus Schätzungen der Modell-Parameter und der dazugehörigen Tests auf Verschiedenheit von 0. Hat ein Faktor mehr als 2 Ausprägungen, so müssen diese Tests für jeden Effekt zu einem varianzanalytischen Test (*anova-like test*) zusammengefasst werden, was je nach Programm nicht automatisch erfolgt. Methoden dazu sind in 9.8 aufgeführt.

Im Gegensatz zu den zuvor aufgeführten Verfahren, die alle primär für metrische Kriteriumsvariablen konzipiert, allerdings auch für ordinale Variablen anwenbar sind, ist die ordinale logistische Regression eine Methode, die speziell auf ordinale Merkmale zugeschnitten ist. Die Anwendung ist allerdings nicht so ganz so einfach wie die der übrigen Verfahren. Dank der u.a. Methoden GEE und GLMM ist die logistische Regression auch auf Versuchspläne mit Messwiederholungen anwendbar.

2. 15 GEE und GLMM

In den 90er Jahren wurden zwei neue Schätzmethoden speziell für Messwiederholungen entwickelt: GEE (*Generalized Estimating Equations*) sowie die GLMM (*Generalized Linear Mixed Models*), für die mittlerweile zahlreiche Programme bzw. Funktionen, insbesondere in R, verfügbar sind. GEE ist eine Weiterentwicklung des *Marginal Probability Model,* und letztlich sind beide Verallgemeinerungen der *Generalized Linear Models* (GLM) auf Daten mit Messwiederholungen bzw. korrelierende Daten und daher für gemischte Versuchspläne geeignet. Typisch für diese Verfahren sind die *Cluster*, die jeweils sämtliche Messwiederholungen einer Erhebungseinheit, z.B. Versuchsperson, enthalten. Beide Verfahren sind sowohl für metrische, ordinale und dichotome abhängige Variablen einsetzbar. Dies ist möglich über die Spezifikation einer Link-Funktion, die üblicherweise die Werte "gaussian" (metrisch/normalverteilt), "poisson" (Häufigkeiten) und "binomial" (dichotom) annehmen kann. (Einigermaßen) verständliche Einführungen in diese Verfahren bieten u.a. Baltes (2016) und Weyer (2008).

Insbesondere GEE hat im Vergleich zur parametrischen Varianzanalyse und zu GLMM schwächere Voraussetzungen, u.a. keine Normalverteilung der Residuen und keine Varianzhomogenitäten. Auf der anderen Seite muss eine Struktur für die Korrelationsmatrix der Messwiederholungen angegeben werden (vgl. auch Abschnitt 5.2.). Gängige Strukturen für die Korrelationen r_{ij} sind:

- *exchangeable*: alle r_{ij} $(i \neq j)$ sind gleich,
- *independence*: alle r_{ij} $(i \neq j)$ sind 0,
- *unspecified* / *unstructured*: alle r_{ij} $(i \neq j)$ sind beliebig,
- *autogressive*: die r_{ij} $(i \neq j)$ errechnen sich als r^{i-j} $(i > j)$

independence ist unrealistisch, da Messwiederholungen üblicherweise korrelieren, und *unspecified* ist unpraktibel wegen des sehr hohen Schätzaufwands. *exchangeable* entspricht der *compound symmetry* (vgl. Abschnitt 5.2.) und ist der realistischste Fall neben *autogressive,* bei dem die Korrelationen mit größerem Abstand der Messwiederholungen abnehmen. Wenn auch die Korrelationsstruktur angegeben werden muss, hat sie in der Praxis wenig Einfluss auf das Ergebnis. GLMM erfordern keine entsprechende Spezifikation.

Beide Methoden basieren auf asymptotischer Statistik, d.h. erfordern sehr große Stichproben. Wünschenswert ist ein n>100. Dies gilt insbesondere für GLMM, für das Maximum Likelihood-Schätzung verwendet wird, während GEE-Modelle mittels kleinster Quadrat-Schätzung gelöst werden. Während die mit GEE erzielten Schätzungen (Ergebnisse) insbesondere für kleinere n als zuverlässiger gelten, erlauben die GLMM auch Versuchspläne mit fehlenden Werten auf den Messwiederholungen, ohne dass entsprechende Fälle eliminiert werden müssen.

Wie bei logistischen Regression (s.o.) besteht zunächst einmal das Ergebnis aus der Schätzung der Modell-Parameter und der dazugehörigen Tests auf Verschiedenheit von 0. Hat ein Faktor mehr als 2 Ausprägungen, so müssen diese Tests für jeden Effekt zu einem varianzanalytischen Test (*anova-like test*) zusammengefasst werden, was bei GEE und GLMM in der Regel nicht automatisch erfolgt. Methoden dazu sind in 9.8 aufgeführt. Basis für diese varianzanalytischen Tests sind neben den Parameterschätzungen die Kovarianzmatrizen der Parameterschätzungen. Insbesondere für GEE gibt es hierzu eine Vielzahl von Methoden, wobei der *sandwich estimator* von Liang & Zeger das Standard-Verfahren ist. Eine Übersicht geben Wang et al. (2016). Nicht viel besser sieht es bei GLMM aus, wozu Li et al. (2016) eine Reihe von Methoden

zusammengestellt haben.

Abschließend einige verunsichernde Warnungen, die zum einen auf eigenen Erfahrungen, basierend auf Simulationen, beruhen (vgl. Lüpsen, 2018), zum anderen auf Erfahrungen anderer Autoren, die dort zitiert werden, und die letztlich von der Verwendung von GEE und GLMM abraten:

- Insbesondere bei kleineren Stichproben (n<100) kann sehr häufig kein Ergebnis gefunden werden oder es kommt zu Abbrüchen. Die Ausfallrate kann je nach Methode und Daten bis zu 90% (!) betragen.
- Sowohl für GEE als auch für GLMM gibt es mehrere mathematische Verfahren, die nicht einheitliche Resultate liefern. Der fortgeschrittene Leser sei auf Ziegler et al. (1998) für eine Übersicht der GEE-Verfahren bzw. Tuerlinckx (2006) für die GLMM-Verfahren verwiesen.
- Die Wahl der oben erwähnten verschiedenen Parameterschätzungen der Kovarianzmatrizen kann zu recht unterschiedlichen Ergbenissen führen.
- Dieselbe Methode kann bei verschiedenen Programmen oder auch R-Funktionen zu deutlich unterschiedlichen Ergabnissen führen.

GEE wie auch GLMM sind sowohl in R als auch in SPSS verfügbar. In R werden dazu zahlreiche Pakete angeboten, wovon einige der darin enthaltenen Funktionen in den Kapiteln 6.10, 8.3 und 8.4 vorgestellt werden. SPSS bietet dazu die Prozeduren `GENLIN` (GEE) und `GENLINMIXED` (GLMM).

2. 16 Voraussetzungen

Die meisten oben vorgestellten Verfahren basieren auf einer Rangtransformation und sind in erster Linie für metrische Variablen gedacht, die die Normalverteilungs-Voraussetzung nicht erfüllen, *nicht* jedoch für Variablen mit *beliebigen* Eigenschaften. D.h. hat die untransformierte Variable x ungleiche Varianzen, so kann das auch noch für die rangtransformierte Variable R(x) gelten. Das gilt insbesondere für die RT-, ART-, und INT-Verfahren. U.a. haben Beasley & Zumbo (2009) im Falle der ART-Prozedur darauf hingewiesen. Durch die Rangtransformation werden Verteilungsdeformationen bestenfalls abgemildert, nicht aber beseitigt. So ist es sinnvoll, gegebenenfalls auch R(x) auf Varianzhomogenität zu überprüfen und gegebenenfalls einen der in Kapitel 4.3.3 vorgestellten Tests zu benutzen. Verschiedentlich wird auch beim Kruskal-Wallis-Test darauf hingewiesen, dass dieser auch auf inhomogene Varianzen anspricht (vgl. Wilcox, 2003), was zwangsläufig dann auch für die Puri & Sen-Tests gilt.

Im Fall von unabhängigen Stichproben empfiehlt sich zum Test der Varianzhomogenität von R(x) der *Levene-Test*, da dieser (im Gegensatz zum klassischen F-Test, zum F_{max}-Test oder zum Bartlett-Test) robust gegen Abweichungen von der Normalverteilung ist und auch für ordinale Variablen anwendbar ist. Allerdings gibt es wenig Alternativen für den Fall, dass sich die Varianzen auch nach der Rangtransformation als inhomogen erweisen. Einige werden in den Kapiteln 4.2.2 und 4.3.3 vorgestellt. Eine allgemeine Möglichkeit besteht in der Box-Korrektur der Freiheitsgrade (vgl. Anhang 2.1), die im Fall der RT-, ART-, und INT-Verfahren angewendet werden kann. Leider ist die Box-Korrektur weder in R noch in SPSS standardmäßig verfügbar.

Im Fall von abhängigen Stichproben (Messwiederholungen) muss man notgedrungen den Mauchly-Test (vgl. Kapitel 5.2) benutzen, wenn dieser auch nicht annähernd die robuste Eigenschaften eines Levene-Tests hat. Es gibt zwar einen entsprechenden Test für Rangdaten von *Hallin und Paindaveine* (2006), der aber noch nicht in den Softwaresystemen verfügbar ist.

Beasley und Zumbo (2009) propagieren, bei den F-Tests einfach eine der Korrekturen der Freiheitsgrade von Huynh-Feldt oder Greenhouse-Geisser vorzunehmen, ohne das Ergebnis des Mauchly-Tests zu berücksichtigen. Darüber hinaus werden in Kapitel 6.10 mehrere Verfahren vorgestellt, die keine Homogenitätsvoraussetzungen haben, allerdings nur für R bereitstehen.

Auf der anderen Seite kann geschlossen werden: Erfüllen die nichttransformierten Daten die Voraussetzung der Varianzhomogenität, so gilt diese auch für die rangtransformierten Daten, so dass gegebenenfalls eine Überprüfung dafür entfallen kann.

Da bei dem Puri & Sen- und van der Waerden-Verfahren χ^2- anstatt F-Tests durchgeführt werden, ist bei diesen die Voraussetzung der Varianzhomogenität, insbesondere der Spherizität, von untergeordneter Bedeutung, so dass entsprechende Tests entfallen können. Dafür muss man allerdings konservativere Tests inkauf nehmen.

2. 17 Vergleiche

Die RT-, ART- und Puri & Sen-Methoden werden von Sawilowsky (1990) und Toothaker & De Newman (1994) mit dem F-Test verglichen (durch eigene Simulationen und Verweise auf ähnliche Simulationsergebnisse anderer Autoren) hinsichtlich des Verhaltens von

- α, d.h. ob das vorgegebene α vom Test eingehalten wird, und
- β, d.h. wie konservativ der Test im Vergleich zum parametrischen Test reagiert.

Deren Ergebnis: Der Puri & Sen-Test hält zwar den Fehler 1. Art unter Kontrolle, ist aber recht konservativ, wenn andere Effekte vorhanden sind. Für diesen Fall schlagen sie die ART-Prozedur vor. Da aber alle untersuchten Verfahren in irgendwelchen Situationen zu liberal reagieren, geben sie keine generelle Empfehlung aus.

Einen ähnlichen Vergleich hinsichtlich der nichtparametrischen Kovarianzanalyse gibt es von Olejnik & Algina (1985). Einen umfangreichen Vergleich der Methoden, insbesondere zum Test der Interaktion bei der nichtparametrischen Varianzanalyse, ist bei Sawilowski (1990) zu finden, der allerdings aus 1990 stammt und daher neuere Methoden nicht berücksichtigt. Dort werden aus zahllosen Artikeln die Pros und Contras der Verfahren zusammengestellt.

Mansouri und Chang (1995) vergleichen die INT-Verfahren (normal scores und van der Waerden) u.a. mit dem RT-Verfahren. Ein Vergleich des ATS-Tests mit anderen Methoden wird von Hahn, Konietschke und Salmaso (2013) geboten.

Eine Übersicht fast aller Verfahren mit einem Vergleich der Fehlerraten 1. Art und der Power auf Basis verschiedener Simulationen bietet Danaba (2009), wenn auch diese Arbeit wegen typografischer Mängel nicht ganz einfach zu lesen ist. Sein Fazit: RT, INT, Puri & Sen sowie ATS verhalten sich robust gegen Verletzungen der Vorausstzungen und haben eine Power, die der des F-Tests überlegen ist, ausgenommen im Fall der Exponential-Verteilung. Dagegen fällt das ART-Verfahren bei dem Vergleich durch. Leider berücksichtigt er nicht heterogene Varianzen.

An dieser Stelle sollte noch ein Vergleich von Lüpsen (2016c) erwähnt werden, in dem alle hier vorgestellten Verfahren für die 2-faktorielle Varianzanalyse ohne Messwiederholungen verglichen werden, für 14 verschiedene Verteilungen, für homogene und heterogene Varianzen sowie für diverse Modelle. Er favorisiert die Methode von van der Waerden wegen seiner Robustheit hinsichtlich heterogener Varianzen und wegen der relativ hohen Power, insbesondere für große Zellenbesetzungszahlen n. Für kleine n, etwa 10 und kleiner, ist auch die ART+INT-Methode eine gute Wahl, die allerdings für $n>20$ häufig den Fehler 1. Art nicht unter

Kontrolle halten kann. Ein entsprechender Vergleich für gemischte Versuchspläne (split plot designs) ist derzeit in Arbeit. Erste Ergebnisse haben aber gezeigt, dass es keine Tendenz zugunsten einer bestimmten Methode gibt.

Zum Schluss noch zum Vergleich der Verfahren für heterogene Varianzen. Generell gilt, dass die (hier vorgestellten) nichtparametrischen Verfahren die durch ungleiche Varianzen verursachten Probleme nicht lösen können (siehe z.B. Alexander & Govern, 1994 sowie Tomarken & Serlin, 1986). Leider beschränken sich die Vergleiche fast ausnahmslos auf die 1-faktorielle Analyse. Diese zeigen, dass es kein Verfahren gibt, das universell empfehlenswert ist, da es für jedes Situationen gibt, in denen die Resultate unbefriedigend sind, insbesondere bei schiefen Verteilungen und im Fall von kleinen Zellhäufigkeiten, etwa $n<10$ (siehe z.B. Lix et al., 1996 sowie Schneider & Penfield, 1997). Dennoch werden die o.a. Methoden von James sowie von Alexander & Govern am besten eingestuft. Von den weiter verbreiteten Tests ist der von Brown & Forsythe gegenüber dem von Welch vorzuziehen (vgl. Jennifer J. Clinch et al., 1982).

2. 18 Entscheidungshilfen zur Auswahl

Bei allen oben genannten positiven und negativen Eigenschaften der Verfahren ist es nicht leicht, das passende auszuwählen. Daher werden nachfolgend einige Kriterien aufgeführt, die natürlich voraussetzen, dass der Untersucher einige Kenntnisse über seine Daten besitzt. Generell kann jedoch gesagt werden, dass in den meisten Fällen der klassische F-Test eine durchaus gute Wahl ist und der v.d.Waerden-Test die beste Alternative darstellt.

Der parametrische F-Test kann problemlos angewandt werden, solange entweder gleiche Zellenbesetzungszahlen n_i oder gleiche Varianzen vorliegen. Lediglich die Verbindung von nichtbalancierten (ungleichen n_i) Versuchsplänen mit heterogenen (ungleichen s_i^2) Varianzen verlangt nach besonderen Methoden. Bei Versuchsplänen mit ungleichen n_i und ungleichen Varianzen s_i^2 spielt die Paarung eine entscheidende Rolle. Der kritischste Fall liegt vor, wenn kleine n_i mit großen s_i^2 gepaart sind (*negative pairing*). Hier sind die ATS-Methode sowie die in 2.13. aufgeführten Methoden die einzigen, die den Fehler 1. Art unter Kontrolle hält. Von allen anderen ist der Puri & Sen-Test derjenige, der noch am besten abschneidet, wenn auch er das α-Risiko verletzt, allerdings in Maßen. Vergleichsweise harmlos ist dagegen der Fall, wenn kleine n_i mit kleinen s_i^2 gepaart sind (*positive pairing*). Hier verletzen zwar keine Verfahren den Fehler 1. Art, reagieren allerdings konservativ. In diesem Fall sind wiederum die in 2.13. aufgeführten Methoden vorzuziehen. Der Fall, dass die (ungleichen) n_i und die (ungleichen) s_i^2 unabhängig sind, wird der Normalfall sein. Bei heterogenen Varianzen „schwächelt“ nicht nur der F-Test sondern leider auch fast alle nichtparametrischen Tests. Einzig der v.d.Waerden-Test hält das α-Risiko unter Kontrolle. Wem der Rechenaufwand zu groß ist, kann ersatzweise auch die INT-Methode wählen.

Im Fall von rechtsschiefen Verteilungen, insbesondere bei einer Lognormalverteilung oder einer Exponentialverteilung sollte der parametrische F-Test angewandt werden. In solchen Fällen können bei allen rangbasierten Verfahren - und das sind die meisten nichtparametrischen Verfahren - die kleinsten Streuungsunterschiede schon zu falsch sinifikanten Ergebnissen führen (vgl. Lüpsen, 2016b). Und im Fall einer Exponentialverteilung hält der F-Test das α-Risiko komplett unter Kontrolle und hat zugleich die größte Power. Vgl. dazu Zimmerman (2004) sowie Carletti & Claustriaux (2005). Diese Verteilungsformen kommen in der Praxis häufig vor, typischerweise in der Medizin, z.B. Blutdruck, oder in der Wirtschaft, z.B. Verbrauchsdaten oder Einkommen.

Vielfach wird die ART-Methode favorisiert. Deren Anwendung sollte jedoch vermieden werden bei heterogenen Varianzen, bei rechtsschiefen Verteilungen, bei diskreten, insbesondere dichotomen Variablen mit wenigen Ausprägungen (unter 8) und generell für den Test von Haupteffekten. Die negativen Eigenschaften werden zum Teil abgemildert durch die INT-Transformation, allerdings nicht bei diskreten Variablen. D.h. die ART+INT-Methode ist gegebenenfalls vorzuziehen (vgl. dazu Lüpsen, 2016a).

Abschließend noch ein paar Bemerkungen zu den Methoden für heterogene Varianzen, die im Fall eines positiven oder negativen pairings vorzuziehen sind. Mit Abstand am besten werden die Verfahren von James sowie Alexander & Govern bewertet, die allerdings nur in 1-faktoriellen Versionen bekannt sind. Für 2-faktorielle Analysen gibt es die Methoden von Welch & James (WJ), Brown & Forsythe (BF), Akritas & Brunner (ATS) sowie Brunner, Dette & Munk (BDM). ATS und BDM sind extrem konservativ, während BF leicht liberal reagiert. Der WJ ist vielleicht trotz Schwächen bei der Interaktion der empfehlenswerteste.

3. Funktionen zur Varianzanalyse in R und SPSS

Auch für die nichtparametrischen Varianzanalysen greift man fast immer auf die klassischen parametrischen Methoden zurück, um anschließend die Ergebnisse weiterzuverarbeiten. Daher nachfolgend ein Überblick über die Möglichkeiten in R (Version 3.5.3) und SPSS (Version 25).

3. 1 Funktionen in R

Varianzanalysen sind in R nicht so problemlos durchzuführen, wie man erwarten sollte. Das hat im Wesentlichen zwei Gründe:

- Zum einen verwendet R für die in der Programmiersprache S vorgesehene Funktion `aov` die Berechnung der Streuungsquadrate vom Typ I, eine Methode, die zum einen problematisch ist und zum anderen von kaum einem anderen Programm benutzt wird (vgl. dazu das Kapitel 4.3.1.1). Weitere Hinweise hierzu bieten Scholer (2016) und Meyer (2008).
- Zum anderen müssen viele im Zusammenhang mit der Varianzanalyse erforderlichen Tests (z.B. Varianzhomogenitätstests oder multiple Mittelwertvergleiche) mühsam mit anderen Funktionen durchgeführt werden, was allerdings in R nicht unüblich ist.

Das hat dazu geführt, dass es inzwischen fast zahllose Funktionen zur Varianzanalyse in diversen hinzuzuladenden Paketen gibt. Von denen können hier nur wenige erwähnt werden.

Generell müssen die Faktoren, die unabhängigen Variablen, deren Einfluss getestet werden soll, vom Typ „factor“ sein, auch wenn sie nur zwei Stufen (Ausprägungen) haben. Darüber hinaus ist vielfach, insbesondere bei Messwiederholungen, eine numerische Fallkennung „subject“ erforderlich, die ebenfalls vom Typ „factor“ sein muss. Eine Anweisung sollte immer zu Beginn jeder Sitzung ausgeführt werden:

```
options (contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
```

(vgl. Kapitel 9.4) um korrekte Ergebnisse zu erhalten.

- `aov`

  `aov (`*`abh.Variable ~ Faktor1*Faktor2*..., Dataframe`*`)`

  für unabhängige Stichproben

  `aov (`*`abh.Variable ~ Faktor1*..+ Error(subject/Faktor1*..), Dataframe`*`)`

  für abhängige Stichproben

  `aov` berechnet Quadratsummen vom Typ I. Um solche vom Typ III zu erhalten, ist neben der o.a. `options`-Anweisung der folgende Schritt erforderlich:

  Wenn *`model`* das Ergebnis von `aov` enthält, dann werden die Quadratsummen vom Typ III mit Tests ausgegeben über

  ```
  drop1 (model, ~. , test="F")
  ```

- `lm`

  `anova (lm (`*`abh.Variable ~ Faktor1*Faktor2*..., Dataframe`*`)`

  für unabhängige Stichproben

  Um Quadratsummen vom Typ III zu erhalten, sind dieselben Schritte wie bei `aov` erforderlich.

  Vorteil gegenüber `aov`: Die Ergebnisse, wie z.B. die Quadratsummen lassen sich weiterverarbeiten, was vielfach erforderlich ist.

- `lm` mit `Anova` (im Paket `car`)

  `Anova (lm (`*`abh.Variable ~ Faktor1*Faktor2*..., Dataframe`*`), type="III")`

  Für direkte Berechnung der Quadratsummen vom Typ III und mit weiterverabeitbaren Ergebnissen.

- `ezANOVA` (im Paket `ez`)
  `azANOVA (`*`Dataframe`*`, .(`*`abh.Variable`*`), .(`*`subject`*`),`
  `between=.(`*`Faktoren`*`),within=.(`*`Faktoren`*`))`
  sowohl für Gruppierungsfaktoren (`between=..`)
  als auch für Messwiederholungsfaktoren (`within=..`)
  Bei Messwiederholungsfaktoren Ausgabe des Mauchly-Tests sowie der modifizierten Tests von Geisser & Greenhouse sowie von Huynh & Feldt, sonst Ausgabe des Levene-Tests. Berechnung der Quadratsummen vom Typ III möglich (`type=3`).
  Diese Funktion ist zwar einfach zu benutzen, hat aber zwei Schwächen: zum einen muss immer eine numerische Fallkennung *subject* angegeben werden, zum anderen meldet sie häufig fälschlicherweise Eingabefehler oder ungültige Variablenangaben.

- `rankFD` (im Paket `rankFD`)
  `rankFD (`*`abh.Variable ~ Faktor1*Faktor2*..., Dataframe`*`)`
  für unabhängige Stichproben nach dem ATS-Verfahren von Akritas, Arnold & Brunner.

- `nparLD` (im Paket `nparLD`)
  `nparLD(`*`abh.Variable~Faktor1*Faktor2*..,Dataframe, subject`*`)`
  für nichtparametrische Analysen mit Messwiederholungen nach dem ATS-Verfahren von Akritas, Arnold & Brunner.
  Es können auch Versuchspläne mit fehlenden Werten analysiert werden. Dafür stehen je nach Design die Funktionen `f1.ld.f1, f2.ld.f1, f1.ld,f2, ld.f1` und `ld.f2` zur Verfügung.

- `oneway.test`
  `oneway.test (`*`abh.Variable ~ Faktor, Dataframe`*`)`
  für unabhängige Stichproben
  Robuste 1-faktorielle Varianzanalyse für inhomogene Varianzen nach dem Verfahren von Welch.

- `ag.test, james.test, bf.test, welch.test` (im Paket `onewaytests`)
  `....test (`*`abh.Variable ~ Faktor, Dataframe`*`)`
  für unabhängige Stichproben
  Robuste 1-faktorielle Varianzanalysen für inhomogene Varianzen nach den Verfahren von Alexander & Govern, James, Brown & Forsythe sowie Welch.

- `friedman.test`
  `friedman.test (`*`Datenmatrix`*`)`
  1-faktorielle nichtparametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen nach dem Verfahren von Friedman.

- `quade.test`
  `quade.test (`*`Datenmatrix`*`)`
  1-faktorielle nichtparametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen nach dem Verfahren von Quade.

- `waerden.test` (im Paket `agricolae`)
  `waerden.test (`*`abh.Variable, Faktor,`*` group=F, console=T)`
  1-faktorielle Varianzanalyse mit normal scores nach dem Verfahren von van der Waerden.

- `BDM` (im Paket `asbio`) und `GFD` (im Paket `GFD`)
  `BDM.test (`*`abh.Variable, Faktor`*`)`
  `BDM.2way (`*`abh.Variable, Faktor1, Faktor2`*`)`
  `GFD (`*`abh.Variable ~ Faktor1*Faktor2*..., Dataframe`*`)`
  mehrfaktorielle robuste Varianzanalyse nach dem Verfahren von Brunner, Dette, Munk.

- `SkiMack` (im Paket `Skillings.Mack`)
  `SkiMack (as.matrix(`*`Datenmatrix`*`))`
  1-faktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholungen bei fehlenden Werten nach dem Verfahren von Skillings & Mack.

Darüber hinaus wird vom Autor eine Bibliothek mit überwiegend nichtparametrischen Varianzanalysen zur Verfügung gestellt (vgl. auch Anhang 3).

3. 2 Funktionen in SPSS

Varianzanalysen sind mit SPSS vergleichsweise einfach durchzuführen. Generell ist zu beachten, dass gegebenenfalls vorher das Skalenniveau der analysierten Variablen auf „Skala“ gesetzt wird. Zur Verfügung stehen:

- `Oneway`
  `Oneway` *`abh.Variable`* `BY` *`Faktor`*
  (Menü: Mittelwerte vergleichen -> einfaktorielle ANOVA)
  1-faktorielle Analyse für unabhängige Stichproben.
  Unter „Optionen“ kann der Levene-Test auf Gleichheit der Varianzen sowie die F-Tests von Welch und Brown & Forsythe im Falle von heterogenen Varianzen angefordert werden.

- `Unianova`
  `Unianova` *`abh.Variable`* `BY` *`Faktor1 Faktor2`* **...**
  (Menü: Allgemeines lineares Modell -> Univariat)
  mehrfaktorielle Analyse für unabhängige Stichproben.
  Unter „Optionen“ kann der Levene-Test auf Gleichheit der Varianzen angefordert werden.
  Unter „Modell“ kann die Methode zur Berechnung der Streuungsquadrate gewählt werden (Typ I, II oder III).

- `GLM`
  `GLM` *`Messwiederholungsvariablen`* `BY` *`Faktor1 Faktor2...`*
  `/WSFactor=... /WSDesign=... /Design=...`
  (Menü: Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung)
  mehrfaktorielle Analyse für unabhängige und abhängige Stichproben.
  Unter „Optionen“ kann der Levene-Test auf Gleichheit der Varianzen bzw. der Box-Test auf Gleichheit Kovarianzamatrizen angefordert werden.
  Unter „Modell“ kann die Methode zur Berechnung der Streuungsquadrate gewählt werden (Typ I, II oder III).
  Mauchlys Test auf Spherizität sowie der modifizierten Tests von Geisser & Greenhouse bzw. von Huynh & Feldt werden immer ausgegeben.

- `Nptests`
  `Nptests`
  `/independent test (`*`abh.Variable`*`) group (`*`Faktor`*`) kruskal_wallis`
  `/related test(`*`Messwiederholungsvariablen`*`) friedman`
  (Menü: Nichtparametrische Verfahren -> k Stichproben ??)
  1-faktorielle nichtparametrische Analyse für unabhängige Stichproben (Kruskal-Wallis-Test) bzw.
  1-faktorielle nichtparametrische Analyse für abhängige Stichproben (Friedman-Test).

3. 3 Fehler bei der Rangberechnung

Gelegentlich werden die Ränge mit der Funktion `rank` sowohl in R als auch in SPSS falsch berechnet. Das hört sich schlimm an, hat aber einen einfachen Grund: Rundungsfehler. Solche Fehler treten natürlich nicht auf, wenn die eingelesenen Variablen in Ränge umgerechnet werden, sondern nur dann, wenn abgeleitete statistische Variablen, wie z.B. Residuen, oder selbst neu errechnete Variablen, wie z.B. Variablensummen und -mittelwerte, in Ränge transformiert werden. Ein Beispiel soll das illustrieren:

Angenommen, es werden aus einer Reihe von Variablen mit den Werten -1, 0, 1 mehrere Mittelwerte gebildet, die dann zu einem Gesamtscore zusammengefasst werden. Dabei resultieren für zwei Probanden die folgenden Teilmittelwerte 1/3 und -1/3 sowie 2/3 bzw. -2/3, die natürlich nicht als Bruch sondern als Dezimalzahl gespeichert werden:

```
1:   0,6666667 - 0.3333333 - 0.3333333
2: - 0,6666667 + 0.3333333 + 0.3333333
```

Werden jetzt jeweils die Summen aus den drei Teilmittelwerten gebildet, erhält man:

```
1:   0.0000001
2:  -0.0000001
```

Beide Summen müssten natürlich „theoretisch“ Null sein. Beim „normalen“ Rechnen macht diese Differenz von `0.000001` , die durch Rundungsfehler entsteht, nichts aus, da sie verschwindend klein ist. Anders jedoch, wenn diese Summe in Ränge transformiert wird. Für die beiden o.a. Probanden sind die Summen nicht mehr gleich und erhalten dadurch verschiedene Ränge. Konkret wird dieses Problem häufiger bei den *aligned rank transform*-Tests auftreten (vgl. Kapitel 4.3.2.3), da dort von Residuen Mittelwerte subtrahiert und das Ergebnis in Ränge umgerechnet werden.

In R lässt sich dieses Problem lösen: Dort gibt es die Funktion `round (x, digits=...)` , über die ein Vektor x auf die vorgegebene Anzahl von Dezimalstellen gerundet werden kann. In der Regel sollte ein Wert `digits=6` ausreichend sein. `round` muss dann vor der Rangberechnung auf die zu transformierende Variable angewandt werden. Würde man diese Funktion auf die Summe des o.a. Beispiels anwenden, so wären die Summen für beide Probanden Null.

3. 4 Fehlende Werte

Fehlende Werte (*missing values*) , insbesondere der abhängigen Variablen (*Kriterium*), sollten i.a. keine Probleme bereiten, sondern automatisch statistisch sinnvoll von den Programmen behandelt werden. Das funktioniert auch weitgehend so. Allerdings ist dabei zu bedenken, dass bei Messwiederholungen, zumindest bei den hier behandelten Standardmethoden, keine fehlenden Werte auftreten dürfen.

Bei der Benutzung von R empfiehlt es sich, im Fall von fehlenden Werten generell vor Durchführung der Varianzanalysen mit der Funktion `na.omit(..)` eine Teildatenmatrix der in der Analyse verwendeten Variablen (Faktoren und Kriterum) ohne fehlende Werte zu erzeugen. Dies ist ganz besonders in den folgenden Fällen ratsam:

- Die Funktion `ezANOVA` kann nicht mit fehlenden Werten umgehen, auch nicht bei Designs, die keine Messwiederholungen enthalten. Hier empfiehlt sich immer:

  `ezANOVA(na.omit(`*`Dataframe`*`),....)`

- Im Fall von fehlenden Werten bei Messwiederholungen müssen in jedem Fall (sowohl bei der Analyse mittels `aov` als auch mittels `ezANOVA`) *vor* der Umstrukturierung der Daten mittels `reshape` oder `make.rm` entsprechende Fälle (Versuchspersonen) komplett eliminiert werden.
- Bei den nichtparametrischen Analysen ist fast immer eine Rangtransformation erforderlich. Bei der Rangbildung mittels `rank(..)` erhalten standardmäßig (unsinnigerweise) auch fehlende Werte Ränge, nämlich die höchsten Ränge. Mittels des Parameters

  ```
  rank(.., na.last="keep")
  ```

  kann das vermieden werden.

4. Unabhängige Stichproben

Es wird im Folgenden angenommen, dass die Werte einer abhängigen Variablen x für *I* Gruppen mit Stichprobenumfängen n_i vorliegen. Üblicherweise werden die Gruppen, und damit die Stichproben, über eine Variable, die Gruppierungsvariable definiert. Diese wird i.a. *Gruppierungsfaktor* genannt, im Gegensatz zu den Messwiederholungsfaktoren. Bei mehrfaktoriellen Analysen entsprechend über mehrere Gruppierungsvariablen.

Beispieldaten 1 (mydata1):

Im Folgenden wird ein Datensatz verwendet, bei dem 2 Patientengruppen (Faktor A: Schizophrene und Depressive, je 9 Personen) jeweils in 3 Gruppen zu 3 Personen eingeteilt werden, die dann jeweils ein Medikament (Faktor B: drugs 1, 2 oder 3) erhalten. Alle Zellen haben daher dieselbe Anzahl Versuchspersonen (n=3). Die abhängige Variable ist eine Beurteilung auf einer Skala von 0 bis 19, also quasi metrisch, wenn auch streng genommen als Beurteilung ordinal.

patients	drug 1	drug 2	drug 3
Schizophrene	8 4 0	10 8 6	8 6 4
Depressive	16 12 8	6 4 2	17 14 11

In R wie auch in SPSS werden hierfür die Variablennamen `patients`, `drugs` und `x` verwendet. In R müssen patients und drug vom Typ „factor“ deklariert sein. In R hat der Dataframe den Namen `mydata1`.

Beispieldaten 2 (mydata2):

Im Weiteren wird ein Datensatz verwendet, bei dem 2 Patientengruppen (Faktor A: Kontrollgruppe und Behandlungsgruppe) jeweils in 4 Gruppen eingeteilt werden, die dann jeweils ein Medikament (Faktor B: drug 1, 2, 3 oder 4) erhalten. Die Zellenbestzungszahlen sind in diesem Datensatz ungleich. Die abhängige Variable ist eine Beurteilung auf einer Skala von 1 bis 9, also ordinal.

group	drug 1	drug 2	drug 3	drug 4
Kontrolle	4 5 5 6	5 6 6 7 7	5 6 7 7	5 6 6 7 9
Behandlung	2 3 3	3 3 4 5	3 4 5 8	6 7 9 9

In R wie auch in SPSS werden hierfür die Variablennamen `group`, `drug` und `x` verwendet. In R müssen group und drug vom Typ „factor“ deklariert sein. In R hat der Dataframe den Namen `mydata2`.

Beispieldaten 3 (mydata3):

Darüber hinaus wird ein Datensatz verwendet, bei dem wieder 2 Patientengruppen (Faktor A: Kontrollgruppe und Behandlungsgruppe) jeweils in 4 Gruppen eingeteilt werden, die dann jeweils ein Medikament in 4 verschieden hohen Dosierungen (Faktor B: dosis 1, 2, 3 oder 4) erhalten. Die Zellenbestzungszahlen sind in diesem Datensatz ungleich. Die abhängige Variable ist eine Beurteilung der Reaktion auf einer Skala von 1 bis 20. Durch Abbruch der Therapie kommt es hier zu unterschiedlichen n_i. Das Skalenniveau ist dasselbe wie im ersten Beispiel, also quasi metrisch, wenn auch streng genommen als Beurteilung ordinal.

gruppe	dosis 1	dosis 2	dosis 3	dosis 4
Kontrolle	4 5 7	5 6 7 6 7 8	4 6 8 9	5 6 7 9 10
Behandlung	4 5 6	6 6 7 7	5 7 11 12	5 9 11 14

In R wie auch in SPSS werden hierfür die Variablennamen `gruppe`, `dosis` und `x` verwendet. In R müssen gruppe und dosis vom Typ „factor“ deklariert sein. In R hat der Dataframe den Namen `mydata3`.

4. 1 Voraussetzungen der parametrischen Varianzanalyse

Vom t-Test her kennt man zwei Voraussetzungen: Erstens müssen die Beobachtungen der abhängigen Variablen x in beiden Gruppen normalverteilt sein und zweitens müssen die Varianzen beider Gruppen homogen (statistisch gleich) sein. Dies lässt sich noch problemlos von zwei auf beliebig viele *I* Gruppen verallgemeinern. (Mit *I* wird im Folgenden die Anzahl von Stufen/Gruppen eines unspezifizierten Faktors bezeichnet.) Doch insbesondere die Normalverteilungsvoraussetzung kann auch anders formuliert werden: Die Residuen e_{ij} müssen normalverteilt sein, wobei sich die Residuen aus dem varianzanalytischen Modell ergeben, hier für den 1-faktoriellen Fall eines Faktors A mit *I* Stufen/Gruppen:

$$x_{im} = \mu + \alpha_i + e_{im} \quad (i=1,...,I \text{ und } m=1,...,n_i) \tag{4-1}$$

wobei $\alpha_i = \mu_i - \mu$ die Abweichungen des Gruppenmittelwertes vom Gesamtmittel sind, der *Effekt* von Faktor A mit *I* Stufen (Gruppen). Das Modell der 2- oder mehrfaktoriellen Analyse unterscheidet sich kaum von dem 1-faktoriellen, da diese auch nur eine einzige Residuenvariable e_{ijm} enthält. Dabei sei B der zweite Faktor, mit *J* Stufen (Gruppen) sowie den Effekten β_j:

$$x_{ijm} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + e_{ijm} \quad (i=1,...,I \ , j=1,...,J \text{ und } m=1,...,n_{ij}) \tag{4-2}$$

(Auf die Interaktion $\alpha\beta_{ij}$ wird in Kapitel 4.3.1.2 kurz eingegangen.) Logisch sind zwar beide Bedingungen (Normalität innerhalb jeder Gruppe und Normalität der Residuen) identisch, doch in der Praxis ist es sinnvoll, die Gesamtheit der Residuen zu überprüfen. Weitere Erläuterungen zur Prüfung auf Normalverteilug sind in Kapitel 1.6 zu finden.

Die Varianzhomogenität ($\sigma_1^2 = ... = \sigma_I^2$) wird zweckmäßigerweise mit dem *Levene-Test* überprüft, da dieser (im Gegensatz zum klassischen F-Test, zum F_{max}-Test oder zum Bartlett-Test) robust gegen Abweichungen von der Normalverteilung ist. Einen kompletten Vergleich von 14 Tests zur Prüfung der Varianzhomogenität bietet Shuqiang Zhang (1998). Es ist zu beachten, dass bei mehrfaktoriellen Analysen für jeden Effekttest andere Varianzen relevant sind. So sind z.B. bei einer 2-faktoriellen Analyse 1. die Varianzen der Gruppen von Faktor A, 2. die Varianzen der Gruppen von Faktor B, und 3. die Zellvarianzen (für die Interaktion A*B) auf Homogenität zu überprüfen.

Doch was, wenn eine der Voraussetzungen nicht erfüllt ist? Muss dann direkt zur nichtparametrischen Varianzanalyse gegriffen werden? Nein! Die Varianzanalyse ist ein sehr robustes statistisches Testverfahren (vgl. Kapitel 1.1). Hierzu gibt es zahlreiche Untersuchungen, insbesondere solche, die das Verhalten von β (Wahrscheinlichkeit für einen Fehler 2. Art) zum Inhalt haben. Brauchbare Übersichten findet man u.a. bei Field (2009), Bortz (1984) und Ito (1980).

Zunächst einmal zwei generelle positive Aussagen:

- Je größer die Stichproben, desto weniger sind die Voraussetzungen noch relevant. Insbesondere ist nach dem *zentralen Grenzwertsatz* die Normalverteilungsvoraussetzung nur für

kleinere Stichproben ($n_i < 50$) relevant (siehe auch weiter unten).

- Bei annähernd gleichgroßen Stichprobenumfängen n_i wirken sich weder nichtnormalverteilte Residuen noch (nicht allzu) inhomogene Varianzen störend aus.

Zur Voraussetzung der Normalverteilung:

(Details sind bei Wilcox (2005), Osborne (2008) sowie Lindman (1974) nachzulesen.)
Wenn im Folgenden von gleichen n_i die Rede ist, dann ist nicht notwenigerweise die exakte Gleichheit aller n_i gefordert. Leichte Abweichungen infolge fehlender Angaben sind erlaubt.

- Moderate Abweichungen von der Normalverteilung, z.B. eine Schiefe, führen schlimmstenfalls zu einer leichten Vergrößerung von β. D.h. gegebenenfalls können Unterschiede nicht nachgewiesen werden. Oder positiv ausgedrückt: Signifikante Unterschiede können als gesichert gelten.
- Schmalgipflige, steile Verteilungen, d.h. mit negativem Exzess (http://de.wikipedia.org/wiki/Wölbung_(Statistik)), machen den F-Test konservativer. Breitgipflige Verteilungen machen dagegen den Test liberaler, können aber auch das α-Risiko vergrößern, allerdings nur in einem sehr geringen Maß (vgl. Ito, 1980).
- Drastische Abweichungen von der Normalverteilung können zu unbrauchbaren Ergebnissen führen, insbesondere wenn die Stichprobenumfänge n_i verschieden sind. (Der F-Test kann in solchen fällen sowohl zu liberal als auch zu konservativ reagieren).
- Box & Andersen (1955) haben einen F-Test entwickelt, der die Abweichung von der Normalverteilung durch eine Korrektur der Freiheitsgrade kompensiert (vgl. Anhang 2.3). Eine entsprechende R-Funktion ist im Anhang 3 zu finden.

Zur Voraussetzung der Varianzhomogenität:

Dies ist die gravierendere Voraussetzung, verlangt einige Kenntnisse über die Daten und gegebenenfalls besondere Analysemethoden. Viele der hier angeführten Faustregeln sind bei Blanca et al. (2017) zu finden, die sich allerdings nur auf 1-faktorielle Designs beziehen und annähernd normalverteilte Daten voraussetzen.

- Der störende Einfluss inhomogener Varianzen ist umso stärker, je größer die Streuung der Varianzen ist, wie Box (1954) bewiesen hat. Eine gute Abschätzung hierfür bietet der Variationskoeffizient c der Varianzen, also die Standardabweichung der Varianzen dividiert durch den Mittelwert der Varianzen.

$$c = \sqrt{\frac{1}{I}\sum_i^I (s_i^2 - \bar{s}^2)^2} / \bar{s}^2 \qquad wobei \qquad \bar{s}^2 = \frac{1}{I}\sum_i^I s_i^2$$

  So wirkt sich z.B. die Folge von Varianzen 1:2:3:4 weniger störend aus als die Folge 1:1:1:4. Zwar ist für beide Folgen der Varianzquotient 4, aber die erste hat einen Variationskoeffizient von 0,52 und die zweite einen Variationskoeffizient von 0,86.
- Gleiche Varianzen s_i^2 führen auch bei ungleichen n_i zu keinerlei Beeinträchtigungen.
- Entgegen den Aussagen in den meisten Lehrbüchern können ungleiche Varianzen auch bei gleichen n_i zu einer Erhöhung der Fehlerrate 1. Art führen. Dies wurde bereits von Box (1954) bewiesen wie auch durch viele Simulationsstudien bestätigt (vgl. z.B. Dijkstra, 1987). Allerdings gilt das im Wesentlichen für stark unterschiedliche Varianzen (ab etwa $\max(s_i^2)/\min(s_i^2)>4$) und sollte in der Praxis ignoriert werden (vgl. Blanca et al., 2017).
- Bei ungleichen n_i gilt: Haben die großen Stichproben auch die größeren Varianzen (*positive pairing*), reagiert der F-Test konservativ. Haben dagegen die großen Stichproben die kleine-

ren Varianzen (*negative pairing)*, reagiert der F-Test liberal (vgl. u.a. Feir & Toothaker, 1974 und Dijkstra, 1987). Diese Regel gilt in abgeschwächter Form auch für die anderen Tests. Die Stärke des Zusammenhangs von s_i^2 und n_i (*pairing*) wird üblicherweise über die Korrelation der beiden Größen gemessen, wenn auch Box (1954) hier einen *bias ratio* definiert hat. Beim (unangenehmen) *negative pairing* gilt: Die Ergebnisse sind gültig, solange der Varianzquotient < 2 und |r| < 0.5 ist.

- Mit zunehmender Varianzheterogenität nimmt auch die Fehlerrate 1. Art zu.
- Moderate Abweichungen von der Varianzhomogenität führen ebenfalls schlimmstenfalls zu einer leichten Vergrößerung von β. Allerdings gilt auch hier, dass die Stichprobenumfänge n_i nicht zu stark divergieren dürfen. Als Faustregel gilt: $\max(s_i^2)/\min(s_i^2) < 3$ und $\max(n_i^2)/\min(n_i^2) < 4$.
- Der gesamte Stichprobenumfang N spielt bei der Varianzhomogenität keine Rolle.
- Je größer die Gruppenzahl *K*, desto robuster ist der F-Test bzgl. Varianzheterogenität.
- Beim parametrischen F-Test sowie bei den rangbasierten nichtparametrischen Tests ist die Interaktion stärker von Varianzinhomogenitäten betroffen als die Haupteffekte.
- Bei der Anwendung rangbasierter nichtparametrischer Verfahren bleibt in der Regel eine Varianzinhomogenität der Rohwerte erhalten (vgl. dazu Fan, 2006 sowie Beasley, 2002), d.h. die Anwendung von nichtparametrischen Varianzanalysen anstatt des parametrischen F-Tests löst nicht das Problem ungleicher Varianzen.
- Im Fall von schiefen Verteilungen können ungleiche Varianzen auch bei den in Kapitel 2.13 aufgeführten Verfahren für heterogene Varianzen zu erhöhten Fehlerraten führen (vgl. Lix et al., 1996 sowie Schneider & Penfield, 1997).
- Korrelieren im Falle inhomogener Varianzen die Zellenmittelwerte mit den -varianzen, nehmen also mit steigenden Zellenmittelwerten auch die Zellvarianzen zu, wird eine Datentransformation der Kriteriumsvariablen *x* empfohlen: gute Chancen bieten die einfachen Funktionen $\sqrt{x}$ und $\log(x)$. Die Box-Cox-Transformationen (vgl. Online Statistics Education) perfektionieren diese Idee. Auf der anderen Seite warnen Feng et al. (2014) insbesondere vor der log-Transformation.
- In Kapitel 2.13 sind verschiedene Verfahren speziell für den Fall ungleicher Varianzen aufgeführt, so z.B. die Tests von Welch sowie von Brown & Forsythe. Diese sind für 1-faktorielle Varianzanalysen auch in SPSS enthalten. In R gibt es diese auch 2-faktoriell sowie eine Reihe weiterer Methoden, die robust gegen heterogene Varianzen sind.
- Darüber hinaus hat Box (1954) eine Korrektur (genauer gesagt: Reduzierung) der Freiheitsgrade für den F-Test entwickelt, der die Heterogenität der Varianzen berücksichtigt. Diese erfordert zwar ein wenig Programmieraufwand, ist aber in R realisierbar. Näheres dazu bei Winer (1991, S. 109, sowie im Anhang 2.1.)

Details sind bei Glass et al. (1972) sowie Osborne (2008) nachzulesen. Eine gute Übersicht, insbesondere der robusten parametrischen Verfahren, ist bei Fan (2006) zu finden. Eine hilfreiche Zusammenstellung der Auswirkungen der Verletzungen von Voraussetzungen sowie alternativer Methoden bietet Dijkstra (1987). Speziell der Einfluss inhomogener Varianzen wird von Lix et al. (1996) ausführlich behandelt, die auch die o.a. Ergebnisse von Box (1954) ausführlich wiedergeben. Blanca et al. (2017) gibt eine Reihe praktischer Empfehlungen.

Neben den beiden o.a. Voraussetzungen gibt es allerdings noch eine dritte: die Unabhängigkeit der Beobachtungen. Diese lässt sich allerdings kaum „testen“, sondern setzt eher eine saubere Versuchsplanung voraus. Dies ist allerdings nicht Thema dieses Skripts. Dennoch ein kleines

Beispiel hierzu. Hat man einen Faktor wie „Geschlecht“, so wird man diesen normalerweise als Gruppierungsfaktor mit unabhängigen Stichproben ansehen. Das ist nicht immer so. Werden z.B. Vater und Mutter eines behinderten Kindes unabhängig voneinander befragt, wie sie damit umgehen bzw. welche Auswirkungen dies auf das Zusammenleben hat, so sind die Antworten beider Elternteile nicht mehr unabhängig, da sich diese auf dasselbe Kind beziehen. In diesem Fall ist das „Geschlecht“ des antwortenden Elternteils als Messwiederholungsfaktor zu behandeln.

Noch eine Erläuterung zum *zentralen Grenzwertsatz*, nach dem für größere *n* insbesondere die Normalverteilungsvoraussetzung vernachlässigt werden kann. Dieser Satz beinhaltet, dass der Mittelwert der Beobachtungen x_{im} asymptotisch, d.h. für größere *n*, normalverteilt ist, egal welche Verteilung die x_{im} haben. Dies lässt sich leicht verifizieren anhand des Würfelexperiments. Die Augenzahl (1,..,6) ist gleichverteilt. Würfelt man *n*-mal und berechnet den Mittelwert der jeweils erzielten Augenzahl, so kann man beobachten, wie diese gegen 3.5 konvergiert. Und ein Histogramm der Mittelwerte zeigt, wie sich der Mittelwert mit zunehmendem *n* der Normalverteilung nähert. Bei der Varianzanalyse werden im Wesentlichen Summen und Mittelwerte berechnet, die für große *n* normalverteilt sind, daraus Quadrate, die χ^2-verteilt sind, und deren Quotienten F-verteilt sind. Je besser die Mittelwerte nun an die Normalverteilung herankommen, desto exakter ist anschließend der F-Test.

Fazit und generelle Empfehlungen:

- In jedem Fall ist es ratsam, vor Durchführung einer Varianzanalyse sich ein Bild von den n_i und s_i zu machen, da diese am stärksten die Auswahl des Verfahrens beeinflussen.
- Einige Autoren raten davon ab, die Varianzhomogenität mit einem Test zu überprüfen, da diese meistens stärkere Voraussetzungen haben als der F-Test selbst (vgl. Blanca, 2017).
- Ist die abhängige Variable metrisch, die Stichprobenumfänge n_i nicht stark unterschiedlich, die Abweichungen von der Normalverteilung der Residuen wie auch von der Varianzhomogenität moderat, so kann die parametrische Varianzanalyse durchgeführt und die Ergebnisse ohne Einschränkung interpretiert werden. Vgl. dazu auch Kapitel 2.17.
- Im Fall von pairing $|r|>0.5$, insbesondere bei $|r|>0.8$, ist es ratsam, Verfahren für heterogene Varianzen (vgl. Kapitel 2.13) anzuwenden.
- Bei ungleichen n_i besteht praktisch immer ein (wenn auch kleiner) Zusammenhang zwischen den n_i und s_i (*pairing*). Dieser kann auch bei ungleichen, aber nicht signifikant verschiedenen Varianzen zu verfälschten Ergebnissen führen. Daher ist in solchen Fällen eine Varianzanalyse für heterogene Varianzen sofern möglich vorzuziehen.

Empfehlungen

- Bei gleichen n_i kann im Normalfall selbst bei ungleichen Varianzen und nichtnormalen Verteilungen bedenkenlos der parametrische F-Test angewandt werden.
- Bei ungleichen n_i sollte die Varianzhomogenität und ein pairing geprüft werden. Liegt kein Zusammenhang zwischen den n_i und s_i vor, kann entweder der van der Waerden-Test (insbesondere bei $n_i >10$) oder das ART+INT-Verfahren (n_i=<10) verwendet werden (vgl. Lüpsen, 2016c). Im Falle von pairing wird eines der Verfahren für heterogene Varianzen (siehe unten sowie Kapitel 2.13) empfohlen.

Für die Situation ungleicher Varianzen stehen als 1-faktorielle Analysen sowohl in R als auch in SPSS eine Auswahl von Verfahren zur Verfügung, u.a. die von Welch sowie von Brown & Forsythe, wenn auch die Methoden von James sowie Alexander & Govern vorzuziehen sind.

Für mehrfaktorielle Analysen stehen derzeit nur in R Verfahren zur Verfügung, die heterogene Varianzen berücksichtigen: neben dem oben genannten Verfahren von Brown & Forsythe insbesondere die mehrfaktorielle robuste Varianzanalyse von Welch & James sowie die von Brunner, Dette, Munk. Letztere hält zwar den Fehler 1. Art besser unter Kontrolle, gilt allerdings als extrem konservativ (vgl. Richter & Payton, 2003). Daher werden insbesondere SPSS-Benutzer geneigt sein, nach Möglichkeit die parametrische Analyse durchzuführen oder „notfalls“ eines der in den folgenden Kapiteln vorgestellten Verfahren, die sich mit relativ wenig Mühe auch in SPSS durchführen lassen. Dazu sind, je nach Größe der n_i, die beiden o.a. Methoden von v.d.Waerden und ART+INT noch die am besten geeigneten.

Beispiele zur Prüfung der Voraussetzungen in R bzw. SPSS werden in den nachfolgenden Kapiteln, u.a. 4.3.2 vorgestellt.

4. 2 Die 1-faktorielle Varianzanalyse

Getestet wird die Hypothese gleicher Gruppenmittelwerte:

$\mu_1 = \mu_2 = \ldots = \mu_I$

was in der Terminologie des o.a. Modells 4-1 äquivalent ist zu:

$\alpha_1 = \alpha_2 = \ldots = \alpha_I = 0$

4. 2. 1 Kruskal-Wallis-Test

Eine 1-faktorielle nichtparametrische Varianzanalyse erfolgt üblicherweise über den *Kruskal-Wallis-H-Test,* einer Verallgemeinerung des *Mann-Whitney-U-Tests* von zwei auf beliebig viele Gruppen. Die Logik sieht so aus, dass alle Werte in Ränge transformiert werden, so dass letztlich anstatt der Mittelwerte die mittlere Rangsummen verglichen werden. Für den Test wird ein Wert *H* errechnet, der χ^2-verteilt ist mit (*I-1*) Freiheitsgraden.

Derselbe Test lässt sich auch über eine 1-faktorielle klassische Varianzanalyse der Ränge der abhängigen Variablen durchführen. Dies wird in Abschnitt 4.3.5 ausführlich beschrieben.

mit R:

Sollen für den o.a. Datensatz 1 die Reaktionen bzgl. der 3 Medikamente (Faktor `drugs`) verglichen werden, lautet die Anweisung:

```
mydata1 <- within(mydata1, drugs<-factor(drugs))
kruskal.test (x, drugs)
```

mit der Ausgabe

```
        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  x and drugs
Kruskal-Wallis chi-squared = 2.023, df = 2, p-value = 0.3637
```

was zunächst einmal indiziert, dass die Reaktionen auf die 3 Medikamente sich nicht signikant unterscheiden.

mit SPSS:

```
Nptests
  /independent test (x) group (drugs) kruskal_wallis (compare=pairwise).
```

mit folgender Ausgabe:

	Nullhypothese	Test	Sig.	Entscheidung
1	Die Verteilung von ist über Kategorien von gleich.	Kruskal-Wallis-Test unabhängiger Stichproben	,364	Nullhypothese behalten.

Asymptotische Signifikanzen werden angezeigt. Das Signifikanzniveau ist ,05.

Gesamtanzahl	18
Teststatistik	2,023
Freiheitsgrade	2
Asymptotische Sig. (zweiseitiger Test)	,364

4. 2. 2 Varianzanalysen für inhomogene Varianzen

Varianzhomogenität ist ja eine der Voraussetzungen für die „normale“ parametrische Varianzanalyse. Man sollte aber im Falle von Inhomogenitäten nicht direkt zur nichtparametrischen Analyse greifen, denn es gibt bzgl. der Varianzhomogenität robuste Varianten der parametrischen Analyse. Zumal durch die meistens angewandten Rangtransformationen sich Streuungsunterschiede nicht notwendigerweise auflösen. Die bekanntesten sind die Tests von Welch bzw. von Brown & Forsythe, wovon letzterer der neuere und bessere ist. Allerdings sollte er nicht mit dem gleichnamigen Test zur Prüfung der Varianzhomogenität verwechselt werden. Trivialerweise dürfen diese Tests natürlich auch angewandt werden, wenn die Varianzen homogen sind. Im Falle von exakt gleichen Varianzen sind die F-Werte dieser Tests mit dem „normalen“ F-Test identisch, so dass es durchaus angebracht ist, diese Tests immer als 1-faktorielle Varianzanalyse zu benutzen. Beide Tests sind in R (Welch standardmäßig bzw. Brown & Forsythe im Paket `onewaytests`) und SPSS verfügbar. Allerdings gelten die Tests von Alexander & Govern sowie von James als die besseren, sind aber nur in R (Paket `onewaytests`) vorhanden. Anzumerken ist noch, dass die nichtganzzahligen Freiheitsgrade typisch für solche Tests sind, die keine Varianzhomogenität voraussetzen.

Weitere Tests für ungleiche Varianzen mit Beispielen folgen in Kapitel 4.3.3.

Für das nachfolgende Beispiel wird der Beispieldatensatz 3 benutzt und dort einfaktoriell der Faktor `dosis` untersucht.

mit R:

Zunächst die Prüfung der Varianzhomogenität mittels des Levene-Tests:

```
leveneTest(x~dosis,center=mean,data=mydata3)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = mean)
      Df F value   Pr(>F)
group  3  4.9647 0.006675 **
      29
```

Infolge der stark signifikanten Inhomogenität ist anstatt des normalen F-Tests ein dafür geeigneter robuster F-Test zu wählen. Der Welch-Test ist durchführbar über die Funktion `oneway.test`, der Brown & Forsythe-Test über die Funktion `bf.test`. Für die Variable x aus dem Beispieldatensatz 3 mit dem Faktor `dosis` lauten die Anweisungen:

```
oneway.test(x~dosis, mydata3)
library(onewaytests)
bf.test(mydata3$x, mydata3$dosis)
```

```
        One-way analysis of means (not assuming equal variances)

data:  x and dosis
F = 3.8789, num df = 3.000, denom df = 13.308, p-value = 0.03433

        Brown-Forshyte Test
data:  y vs group
F = 3.2177, num df = 3.000, denom df = 18.618, p-value = 0.04655
```

Die beiden p-Werte mit 0,034 bzw. 0,047 belegen, dass die Dosis eine Wirkung zeigt. Abschließend noch die Tests von Alexander & Govern (`ag.test`) sowie von James (`james.test`):

```
library(onewaytests)
ag.test(mydata3$x, mydata3$dosis)
james.test(mydata3$x, mydata3$dosis)
```

```
        Alexander-Govern Test

data:  y vs group
X-squared = 8.7822, df = 3, p-value = 0.03233

        James's Second-Order Test

data:  y vs group
Jtest = 12.803, CriticalValue = 11.323
```

Beim James-Test wird die Testgröße (`Jtest`) zusammen mit dem kritischen Wert ausgegeben. Der Vergleich zeigt, dass dieser Test auch eine Signgikanz anzeigt.

mit SPSS:

Beide Tests sind durchführbar über `Oneway` (Menü: Mittelwerte vergleichen -> Einfaktorielle Anova). Allerdings müssen die robusten Tests über die „Optionen“ angefordert werden. Für die Variable x aus dem Beispieldatensatz 3 mit dem Faktor `dosis` lautet die Syntax:

```
Oneway x by dosis
  /statistics homogeneity brownforsythe welch.
```

In der Ausgabe erscheint nach dem Test auf Homogenität der Varianzen zunächst das Ergebnis für homogene Varianzen:

Test der Homogenität der Varianzen			
Levene-Statistik	df1	df2	Signifikanz
4,965	3	29	,007

	Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Signifikanz
Zwischen den Gruppen	45,672	3	15,224	3,130	,041
Innerhalb der Gruppen	141,056	29	4,864		
Gesamt	186,727	32			

danach die Tests für beliebige Varianzen, die hier sogar eine größere Signifikanz als der „normale“ F-Test zeigen, was häufig vorkommt, wenn Voraussetzungen des „normalen“ Tests nicht erfüllt sind.

Robuste Testverfahren zur Prüfung auf Gleichheit der Mittelwerte				
	Statistik[a]	df1	df2	Sig.
Welch-Test	3,879	3	13,308	,034
Brown-Forsythe	3,218	3	18,618	,047

4. 2. 3 Verfahren für nichtnormalverteilte Variablen

Wegen der großen Robustheit der Varianzanalyse hinsichtlich Abweichungen der Residuen von der Normalverteilung gibt es nur wenige Verfahren für metrische nichtnormalverteilte abhängige Variablen. Auf zwei soll hier kurz eingegangen werden.

Zum einen gibt es einen modifizierten F-Test von Box & Andersen (1955) (vgl. auch Anhang 2.3), bei dem sich die Abweichung von der Normalverteilung in der Korrektur der Freiheitsgrade wiederspiegelt, wie dies üblicherweise auch bei den entsprechenden modfizierten F-Tests für heterogene Varianzen der Fall ist. Dieses Verfahren macht z.B. Sinn bei extrem schiefen Verteilungen. Eine entsprechende R-Funktion ist im Anhang 3 zu finden.

Erceg-Hurn & Mirosevich (2008) erinnern an die Methode der *Winsorisierung* (oder auch *Trimmen*), die relativ selten angewandt wird, weil sie den Verdacht der Datenmanipulation aufkommen lässt, die aber statistisch durchaus sinnvoll ist. Hierbei werden ein fester Prozentsatz der größten und kleinsten Werte einer Variablen durch die nächstkleinere bzw. durch die nächstgrößere ersetzt. Häufig ersetzt man jeweils 5% der Werte, bei kleineren Stichproben auch jeweils 10% , am oberen Ende durch den nächstkleineren Wert sowie 5% bzw. 10% der Werte am unteren Ende durch den nächstgrößeren Wert. Dieses Verfahren ist sinnvoll insbesondere beim Vorliegen von Ausreißern. R bietet dazu die Funktion `Winsorize` im Paket `DescTools`.

4. 2. 4 Weitere Verfahren

Die nachfolgend für die 2-faktorielle Varianzanalyse beschriebenen Rank transform Tests (RT), normal scores-Test (INT) und van der Waerden-Tests sind ebenso als 1-faktorielle Analyse einsetzbar. Dagegen macht das ART-Verfahren nur im mehrfaktoriellen Design Sinn. Die ATS von Akritis & Co ist als 1-faktorielle Analyse nicht bekannt.

4. 3 Die 2-faktorielle Varianzanalyse

Bevor die einzelnen Methoden, von der parametrischen Analyse inklusive Prüfung der Voraussetzungen bis zu den verschiedenen nichtparametrischen Methoden, im Detail besprochen werden, sollen zunächst noch ein paar grundlegende Eigenschaften der mehrfaktoriellen Varianzanalyse erwähnt werden. Leser, die schon Erfahrungen auf dem Gebiet der Anova haben, werden damit schon vertraut sein.

4. 3. 1 Anmerkungen zur 2-faktoriellen Varianzanalyse

4. 3. 1. 1 Balancierte und nichtbalancierte Versuchspläne

Man unterscheidet zwischen *balancierten* (engl. *balanced*) und *nichtbalancierten* (engl. *unbalanced*) Versuchsplänen bzw. Zellenbesetzungszahlen. Bei balancierten Versuchsplänen sind die Zellenbestzungszahlen zeilenweise oder spaltenweise proportional zueinander, z.B. bei einem Versuchsplan mit den Faktoren A (4 Stufen) und B (3 Stufen)

	B_1	B_2	B_3
A_1	10	12	16
A_2	15	18	24
A_3	20	24	32
A_4	10	12	16

In diesem Beispiel sind die Zellenbesetzungszahlen der 2. bzw. 3. Spalte das 1,2-fache bzw 1,6-fache der 1. Spalte. Umgekehrt kann man auch erkennen, dass die Zellenbesetzungszahlen der 2. bzw. 3. Zeile das 1,5-fache bzw. das 2-fache der ersten Zeile sind.

Versuchspläne mit gleichen Zellenbesetzungszahlen sind natürlich immer balanciert. Solche, bei denen die o.a. Proportionalität nicht zutrifft, sind nichtbalanciert.

Diese Unterscheidung ist insofern relevant, als dass die Lösung für die 2- und mehrfaktorielle Varianzanalyse, d.h. die Berechnung der durch die einzelnen Faktoren bzw. Effekte erklärten Streuungen, bei nichtbalancierten Versuchsplänen nicht mehr eindeutig ist. Es gibt mehrere Schätzmethoden: Typ I, Typ II und Typ III, auf die hier nicht näher eingegangen werden soll. Von diesen ist die *Resgressionsmethode der kleinsten Quadrate* (LS), auch mit *Schätzungen vom Typ III* bezeichnet, die gebräuchlichste und unproblematischste.

4. 3. 1. 2 Die Interaktion

Soll der Einfluss zweier Einflussfaktoren A und B auf eine abhängige Variable x untersucht werden, so bringen zwei 1-faktorielle Varianzanalysen der Faktoren A und B nur die halbe Wahrheit hervor, mitunter sogar irreführende Ergebnisse. Neben den sog. *Haupteffekten* der Faktoren A und B, dem Einfluss von A bzw. B ohne Berücksichtigung des jeweils anderen Faktors, gibt es einen sog. *Interaktionseffekt* A*B, auch *Wechselwirkung* genannt. Dieser zeigt an, ob der Einfluss von A von B abhängig ist, und umgekehrt, ob der Einfluss von B von A abhängig ist. So kann es durchaus vorkommen, dass die Haupteffekte A und B nicht signifikant sind, dafür aber A*B. Dies besagt, dass ein Einfluss von A vorhanden ist, der je nach Gruppe (Stufe) des Faktors B unterschiedlich ausfällt, und umgekehrt, dass ein Einfluss von B vorhanden ist, der je nach Gruppe (Stufe) des Faktors A unterschiedlich ausfällt. In der Praxis heißt das, dass häufig der Einfluss eines Faktors erst dadurch zu Tage tritt, dass dieser in Zusammenhang mit einer anderen Einflussgröße analysiert wird.

Im mathematischen Modell für die 2-faktorielle Varianzanalyse

$$x_{ijm} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + e_{ijm} \qquad (4\text{-}3)$$

erscheint die Interaktion $\alpha\beta_{ij}$ als eine weitere erklärende Komponente von x, neben den Anteilen α_i , den durch Faktor A erklärten Abweichungen ($\mu - \mu_{Ai}$), sowie den β_j , den durch Faktor

B erklärten Abweichungen ($\mu - \mu_{Bj}$). Während die Haupteffekte für A und B die Hypothesen

$H_A: \alpha_i = 0$ für i=1,..,I (entspricht $\mu_{A1} = \mu_{A2} = \ldots = \mu_{AI}$)

$H_B: \beta_j = 0$ für j=1,..,J (entspricht $\mu_{B1} = \mu_{B2} = \ldots = \mu_{BJ}$)

testen, wird über die Interaktion A*B die folgende Hypothese geprüft:

$H_{AB}: \alpha\beta_{ij} = 0$ für i=1,..,I und j=1,..,J

d.h. sowohl die durch A erklärten Abweichungen α_i sind für alle Stufen von B gleich groß als auch die durch B erklärten Abweichungen β_j sind für alle Stufen von A gleich groß.

Dies lässt sich grafisch durch einen sog. *Interaktionsplot* (in SPSS *Profilplot* genannt) veranschaulichen. Dort werden Mittelwertlinien des Faktors A getrennt für die Stufen des Faktors B gezeichnet. Ein nicht paralleler Verlauf der Kurven deutet auf eine signifikante Interaktion hin. Dies kann zum einen sein: Der Einfluss von A ist unterschiedlich stark für die Gruppen von B, oder der Einfluss von A ist für die Gruppen von B gegensätzlich. Bei der 2-faktoriellen Varianzanalyse lassen sich zwei solcher Plots erstellen: einmal erscheinen die Stufen von A auf der x-Achse und die Stufen von B als verschiedene Linien und einmal erscheinen die Stufen von B auf der x-Achse und die Stufen von A als Linien. Welches nun der aussagekräftigere Plot ist, muss individuell entschieden werden.

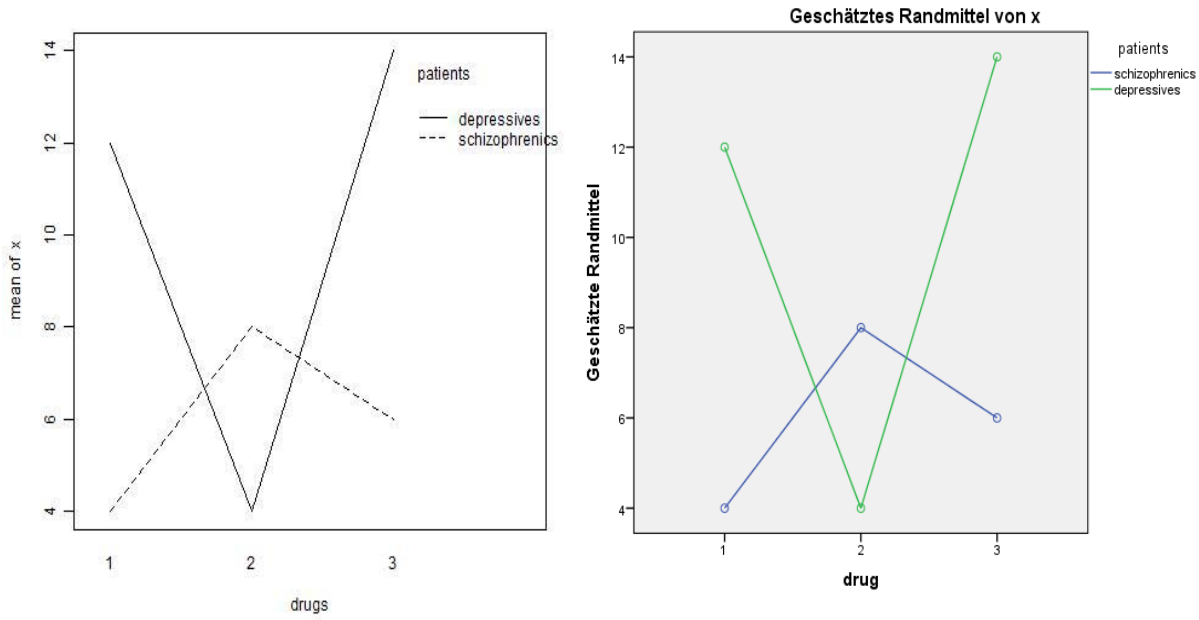
mit R

```
interaction.plot (factor1, factor2, x)
```

wobei die Variablen *factor1, factor2* vom Typ „factor“ sein müssen.

mit SPSS

In SPSS ist der Interaktionsplot erhältlich über die parametrische Varianzanalyse (Analysieren -> Allg. lineare Modell -> univariat -> Diagramme)



Interaktionsplot für den o.a. Datensatz: links mit R erstellt, rechts mit SPSS

4. 3. 1. 3 Reduzierung des statistischen Fehlers

Die folgenden Ausführungen gelten in erster Linie für die parametrische Varianzanalyse sowie für die anderen Verfahren, bei denen die klassische Aufsplittung der Gesamtstreuung in Effekt- und Residuenstreuung vorgenommen wird. Das sind neben den robusten Verfahren für heterogene Varianzen in erster Linie die oben erwähnten Rank transform Tests (RT, INT, ART und ART+INT). Ferner gilt das Folgende ausschließlich für Versuchspläne mit Gruppierungsfaktoren und bei gemischten Versuchsplänen für die Tests der Messwiederholungsfaktoren.

Neben der Analyse der Wechselwirkung bringt die 2-faktorielle Analyse einen weiteren Gewinn gegenüber zwei 1-faktoriellen Analysen: Durch die Hinzunahme eines weiteren Einflussfaktors kann ein weiterer Anteil der Streuung von x erklärt werden. Die statistischen Tests der Faktoren erfolgen über F-Tests mit einem F-Wert, bei dem im Nenner die Residuenstreuung, die Reststreuung, erscheint. Wird letztere nun reduziert, vergrößert sich der F-Wert und damit verkleinert sich der daraus errechnete p-Wert, was eine höhere Signifikanz bedeutet.

Ausnahme: Falls ein hinzugenommener Faktors keinen Einfluss hat, auch nicht über die Interaktion, und keine zusätzliche Streuung erklärt, sollte dieser weggelassen werden. Denn der Haupteffekt sowie die Interaktion des hinzugenommenen Faktors beanspruchen Freiheitsgrade, die von denen der Residuenstreuung abgezogen werden. Und dadurch fallen die Tests für die anderen Effekte schlechter aus. Ob ein Faktor nun Teil eines Anova-Modells sein sollte oder nicht, muss der Untersuchende aufgrund der vorliegenden Hypothesen entscheiden.

Was hier für die Interaktion der 2-faktoriellen Varianzanalyse gesagt wurde, gilt analog für höhere Interaktionen bei der 3- und mehrfaktoriellen Analyse. Mit einem Unterschied: 3-fach und höhere Interaktionen sind zum einen sehr schwer zu interpretieren, sind aber (zum Glück) in der Praxis selten signifikant. Daher werden diese in der Regel nicht in die Modelle einbezogen.

4. 3. 1. 4 Interpretation der Ergebnisse

Zunächst einnmal besteht das Ergebnis einer 2-faktoriellen Varianzanalyse aus 3 Testergebnissen: für die Haupteffekte A und B sowie für die Interaktion A*B. Um diese richtig zu interpretieren, ist es wichtig, zuerst mit dem Interaktionseffekt zu beginnen.

Ist die Interaktion nicht signifikant, reduziert sich das o.a. Modell (4-3) auf

$$x_{ijm} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ijm}$$

d.h. der Effekt von A α_i ist derselbe für alle Stufen *j* von B. Gleichermaßen ist der Effekt von B β_j derselbe für alle Stufen *i* von A. Ist z.B. A=Geschlecht und B=Behandlung, dann hieße das: der Unterschied zwischen Männern und Frauen ist für alle Behandlungsstufen gleichgroß. Ob nun A und B einen Einfluss haben, zeigen die Tests für die Haupteffekte A und B an. Ist ein Haupeffekt signifikant und hat der Faktor mehr als 2 Stufen, so kann man über multiple Mittelwertvergleiche detailliert prüfen, zwischen welchen Stufen Unterschiede bestehen. Dies ist ausführlich in einam anderen Skript „*Multiple Mittelwertvergleiche - parametrisch und nichtparametrisch*“ (Lüpsen, 2014) beschrieben.

Ist die Interaktion allerdings signifikant, so sind die o.a. Schlüsse falsch. Denn die Interaktion besagt dann, dass sowohl der Effekt von Faktor A für die einzelnen Stufen von Faktor B unterschiedlich ausfällt als auch der Effekt von Faktor B für die einzelnen Stufen von Faktor A. So könnte in obigem Beispiel entweder die Differenz zwischen Männern und Frauen für eine Behandlungsstufe einmal positiv, für eine andere dagegen negativ ausfallen, oder diese Diffe-

renz kann in den einzelnen Behandlungsstufen unterschiedlich hoch ausfallen. Damit erübrigt sich auch eine Interpretation der Haupteffekte A und B. In diesem Fall ist die Analyse der sog. *simple effects* (*einfache Effekte*) erforderlich (im Gegensatz zu den „normalen“ *overall effects,* die die eingangs angeführten Ergebnisse liefern). Mehr dazu in Kapitel 10.

4. 3. 2 Das parametrische Verfahren und Prüfung der Voraussetzungen

Zum Vergleich seien die Ergebnisse für die parametrische Analyse vorangestellt sowie die Tests auf Normalverteilung und Homogenität der Varianzen, und zwar zunächst für die Beispieldaten 1 mit einem balancierten Versuchsplan. Anschließend folgt jeweils die Analyse für die Beispieldaten 2 mit einem unbalancierten Design:

mit R:

Da hier ein balancierter Versuchsplan ausgewertet wird, kann die in Kapitel 3.1 angeführte `drop1`-Anweisung entfallen. Anweisungen und Ergebnis:

```
mydata1 <-within(mydata1,{drugs<-factor(drugs);
                patients<-factor(patients)})
aov1    <- aov(x~patients*drugs,mydata)
summary(aov1)
```

```
               Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
patients        1     72   72.00   8.151 0.01449 *
drugs           2     48   24.00   2.717 0.10634
patients:drugs  2    144   72.00   8.151 0.00581 **
Residuals      12    106    8.83
```

Tabelle 4-1

Zur Prüfung der Normalverteilung der Residuen können diese aus dem Anova-Ergebnis über `aov1$residuals` gewonnen werden. Der Shapiro-Wilk-Test und der Levene-Test zur Prüfung der Homogenität der Varianzen können über folgende Anweisungen erfolgen:

```
library (car)
shapiro.test (aov1$residuals)
leveneTest (x~patients*drugs,data=mydata1,center=mean)
leveneTest (x~patients,data=mydata1,center=mean)
leveneTest (x~drugs,data=mydata1,center=mean)
```

mit folgender Ausgabe:

```
Shapiro-Wilk normality test

data:  aov1$residuals
W = 0.9372, p-value = 0.2592

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = mean)
      Df F value Pr(>F)
group  5  0.4377  0.814
      12

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = mean)
      Df F value  Pr(>F)
group  1  4.6921 0.04575 *
      16
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = mean)
      Df F value Pr(>F)
group  2  1.1321 0.3484
      15
```

Welche Schlüsse hieraus zu ziehen sind, ist weiter unten erläutert.

Nachfolgend nun die Varianzanalyse für die Beispieldaten 2. Da es sich dabei nicht um einen balancierten Versuchsplan handelt, weichen die erforderlichen Kommandos von den oben aufgeführten etwas ab.

```
options (contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
mydata2 <-within(mydata2,{drugs<-factor(drugs);
                group<-factor(group)})
aov2    <- aov(x~group*drugs,mydata2)
drop1(aov2, ~. , test="F")
```

mit dem Ergebnis:

```
x ~ group * drugs
           Df Sum of Sq    RSS    AIC F value    Pr(>F)
<none>                  40.917 23.096
group       1    12.024 52.940 29.598  7.3464 0.0119656 *
drugs       3    46.560 87.477 42.171  9.4827 0.0002319 ***
group:drugs 3    17.932 58.848 29.089  3.6521 0.0260399 *
```

Tabelle 4-2

Auch hier werden die mit den 3 Tests korrespondierenden Varianzen auf Homogenität überprüft:

```
leveneTest(x~group*drugs,mydata2)
leveneTest(x~group,mydata2)
leveneTest(x~drugs,mydata2)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  7  0.8608 0.5498
      25

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value  Pr(>F)
group  1  5.6149 0.02422 *
      31

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  3  0.1115 0.9527
      29
```

Welche Schlüsse hieraus zu ziehen sind, ist weiter unten erläutert.

mit SPSS:

Die Prüfung der Voraussetzungen, d.h. die Analyse der Residuen sowie der Varianzhomogenität, sollte schon bei der Durchführung der Varianzanalyse berücksichtigt werden, indem sowohl unter „Speichern“ die Residuen (z.B. „standardisiert“) als zusätzliche Variable angefordert werden und unter „Optionen“ der Homogenitätstest angefordert wird. Allerdings werden bei `Unianova` die Varianzen auf Gleichheit geprüft, die für die Interaktion relevant sind. Die entsprechende Prüfung für die beiden Haupteffekte muss zusätzlich angefordert werden, z.B. mittels `Oneway`. Die Syntax dafür:

```
Unianova  x by patients drugs
  /save = zresid
  /print = homogenity
  /design = patients drugs patients*drugs.
Oneway x by patients
  /statistics homogenity.
Oneway x by drugs
  /statistics homogenity.
```

Die daraus erzeugte Varianzanalysetabelle:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Korrigiertes Modell	264,000[a]	5	52,800	5,977	,005
Konstanter Term	1152,000	1	1152,000	130,415	,000
patients	72,000	1	72,000	8,151	,014
drugs	48,000	2	24,000	2,717	,106
patients * drugs	144,000	2	72,000	8,151	,006
Fehler	106,000	12	8,833		
Gesamt	1522,000	18			
Korrigierte Gesamtvariation	370,000	17			

Tabelle 4-3

mit der Prüfung der Varianzhomogenität bzgl. der Interaktion:

Levene-Test auf Gleichheit der Fehlervarianzen[a]			
F	df1	df2	Sig.
,438	5	12	,814

sowie der Prüfung der Varianzhomogenität bzgl. der beiden Haupteffekte:

Test der Homogenität der Varianzen			
Levene-Statistik	df1	df2	Signifikanz
4,692	1	16	,046

Test der Homogenität der Varianzen			
Levene-Statistik	df1	df2	Signifikanz
1,132	2	15	,348

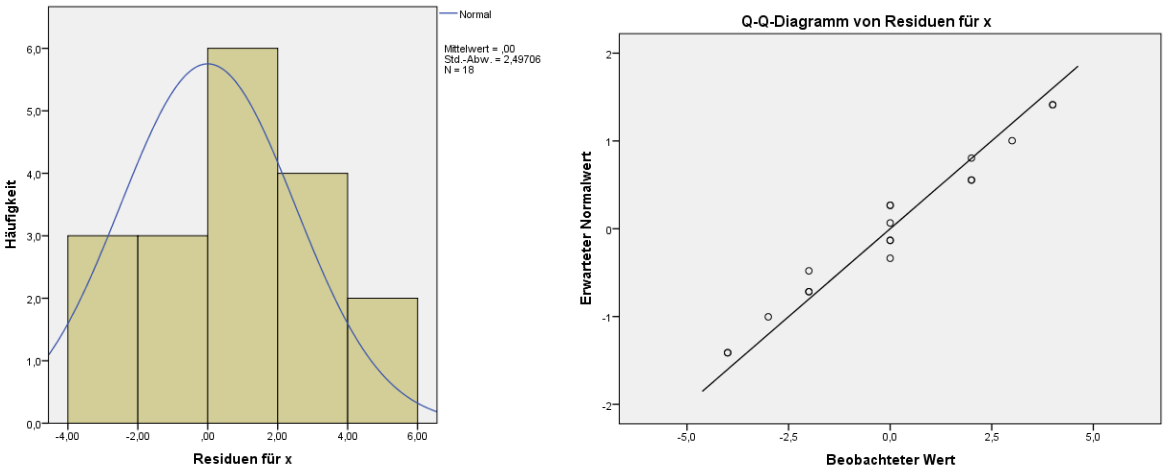
Welche Schlüsse hieraus zu ziehen sind, ist weiter unten erläutert.

Die Prüfung der Residuen auf Normalverteilung muss anschließend gesondert vorgenommen werden. Z.B. grafisch mittels eines Histogramms der in der Varianzanalyse erzeugten

Residuenvariablen (`RES_1`) oder mittels des Shapiro-Wilks-Tests. Beides zusammen kann man über das Menü „Deskriptive Statistiken -> Explorative Datenanalyse“ erzeugen. Die SPSS-Syntax dazu:

```
Examine  variables=RES_1
  /plot histogram npplot.
```

Zur besseren Interpretation des Histogramms sollte allerdings die Intervallzahl auf ca. $\sqrt{n}$ geändert werde, d.h. in diesem Fall bei n=18 auf maximal 5 Intervalle. Der Zusatz `npplot` führt zu einem *normal probability plot* oder *Q-Q-Diagramm* (vgl. auch Kapitel 1.6). Beide zeigen keine deutlichen Abweichungen von der Normalverteilung.



Histogramm und normal probability plot für die Residuen aus dem Datensatz mydata1.

Standardmäßig werden auch zwei Tests auf Normalverteilung ausgegeben: der klassische Kolmogorov-Smirnov- und der etwas modernere Shapiro-Wilk-Test, die hier ebenfalls keine Abweichungen von der Normalverteilung anzeigen:

Tests auf Normalverteilung						
	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistik	df	Signifikanz	Statistik	df	Signifikanz
Residuen für x	,167	18	,200*	,937	18	,259

Nachfolgend nun noch die Varianzanalyse für die Beispieldaten 2:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Korrigiertes Modell	69,265[a]	7	9,895	6,046	,000
group	12,024	1	12,024	7,346	,012
drugs	46,560	3	15,520	9,483	,000
group * drugs	17,932	3	5,977	3,652	,026
Fehler	40,917	25	1,637		

Tabelle 4-4

sowie die Ergebnisse der 3 Tests auf Varianzhomogenität:

Levene-Test auf Gleichheit der Fehlervarianzen[a]			
F	df1	df2	Sig.
1,251	7	25	,314

Test der Homogenität der Varianzen			
Levene-Statistik	df1	df2	Signifikanz
9,489	1	31	,004

Test der Homogenität der Varianzen			
Levene-Statistik	df1	df2	Signifikanz
,115	3	29	,951

Zu den Schlüssen, die aus der Prüfung der Voraussetzungen zu ziehen sind: Für die Beispieldaten 1 (mydata1) ist zwar die Voraussetzung der normalverteilten Residuen erfüllt, allerdings die der Homogenität der Varianzen nur teilweise. Während der erste Test (für die Interaktion) mit `p=0.814` und der dritte Test (für Faktor `drugs`) mit `p=0.0.3484` nicht signfikant sind, zeigt der zweite Test (für Faktor `patients`) mit `p=0.04575` eine leichte Varianzheterogenität an. Da aber einerseits die n_i gleich sind und andererseits das Varianzverhältnis 28/9 bei 3 liegt, ist eine nichtparametrische Analyse nicht erforderlich, d.h. die Ergebnisse der parametrischen Analyse können als gültig angesehen werden. Bei den Beispieldaten 2 liegen ähnliche Ergebnisse vor: Während der erste Test (für die Interaktion) mit `p=0.5498` und der dritte Test (für Faktor `drugs`) mit `p= 0.9527` nicht signfikant sind, zeigt der zweite Test (für Faktor `group`) mit `p=0.02422` Varianzheterogenität an. Nur, hier sind die die n_i ungleich. Daher muss der Test für Faktor `group` mit einem Verfahren durchgeführt werden, das robust gegen ungleiche Varianzen ist, im einfachsten Fall dem robusten t-Test in der Version von Welch. Dieser liefert ein `p=0.107`. Ein Nachteil: Wie in 4.3.1.3 erläutert kann durch den 1-faktoriellen Test Effizienz gegenüber einer 2-faktoriellen Varianzanalyse verloren gehen. Für R gibt es die Alternative, anstatt des t-Tests die 2-faktoriellen Verfahren von Brown & Forsythe oder Welch & James anzuwenden (siehe nächster Abschnitt).

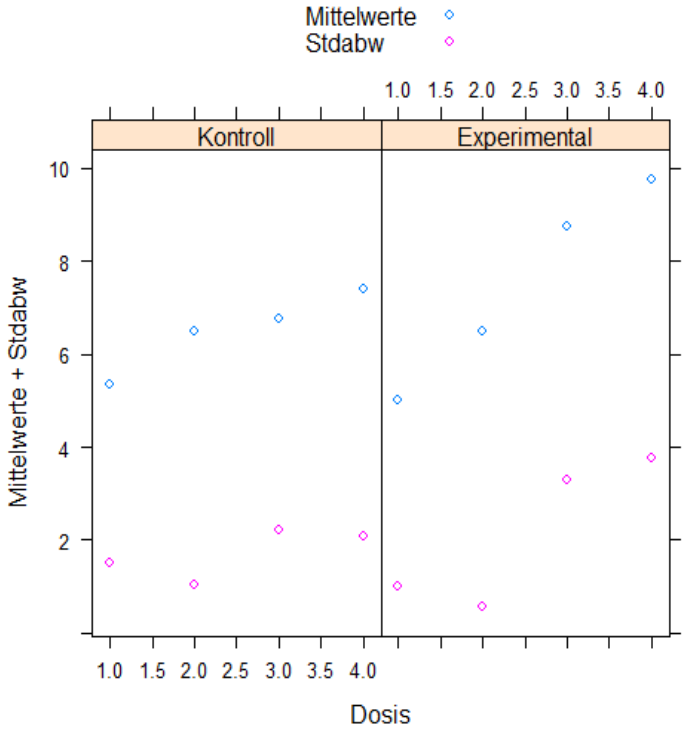
An dieser Stelle soll noch einmal auf die Ausführungen des Kapitels 4.3.1.3 zurückgekommen werden. Dort war darauf hingewiesen worden, dass durch die Hinzunahme eines Faktors häufig der statistische Fehler reduziert werden kann und Effekte erst bei mehrfaktoriellen Analysen als signifkant nachgewiesen werden können. Aus Tabelle 4-3 (Beispieldaten 1) konnten signifkante Effekte für den Faktor `patients` (p=0,014) sowie für die Interaktion (p=0,006) abgelesen werden. Würde man nur 1-faktorielle Analysen durchführen, so erhielte man keine Signifikanzen, abgesehen davon, dass Interaktionen ohnehin nur mehrfaktoriell erkennbar sind. Hier die Ergebnisse mit SPSS:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
patients	72,000	1	72,000	3,866	,067
Fehler	298,000	16	18,625		

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
drugs	48,000	2	24,000	1,118	,353
Fehler	322,000	15	21,467		

4. 3. 3 Varianzanalysen für inhomogene Varianzen

Für mehrfaktorielle Versuchspläne gibt es leider nur wenige robuste F-Tests speziell für heterogene Varianzen. In Kapitel 2.13 waren einige Verfahren vorgestellt worden, von denen allerdings keines in SPSS verfügbar ist. Der dort vorgestellte Test von Brown & Forsythe (vgl. auch Anhang 2.2) ist vermutlich der bekannteste, während der Test von Welch & James weitgehend unbekannt ist. An dieser Stelle sollte auch der Test von Brunner, Dette und Munk, auch *BDM-Test* genannt, erwähnt werden. Eigentlich ist er ein nichtparametrischer Test und als Alternative zum Kruskal-Wallis-Test für den Fall stark inhomogener Varianzen gedacht. Aber er empfiehlt sich auch für den Fall normalverteilter Residuen.



Alternativ wird verschiedentlich als Abhilfe empfohlen, die Kriteriumsvariable x zu transformieren. Genannt werden die Transformationen $\sqrt{x}$ und log(x) (vgl. Kapitel 4.1). Allerdings bieten solche Transformationen keine Garantie, dass für die transformierte Variable Varianzhomogenität erreicht wird.

Für den Datensatz 3 zeigt die ob ige Grafik, dass bei diesem tatsächlich die Varianzen mit den Mittelwerten ansteigen. Der Levene-Test auf Varianzhomogenität zeigt übrigens mit einem p=0,012 einen relativ starken Unterschied der Zellvarianzen. Und da zugleich die Zellenbesetzungszahlen stark schwanken, von 3 bis 6, ist hier eine besondere Behandlung erforderlich.

Verschiedentlich werden für den Fall inhomogener Varianzen auch die Rangtransformation empfohlen, also Anwendung des RT-Verfahrens. Wie in Kapitel 2.12 dargelegt, kann diese Methode zum „Erfolg“ führen, muss es aber nicht. Auf ein Beispiel soll an dieser Stelle verzichtet werden, da dieses Verfahren ohnehin in den nachfolgenden Kapiteln ausführlich behandelt wird. Allerdings sei hier erwähnt, dass für den hier benutzten Datensatz 3 die Homogenität der Varianzen durch die Rangtransformation hergestellt werden kann. Nachfolgend die Ergebnisse (p-Werte) des Levene-Tests ohne und mit Rangtransformation sowie mit einer normal score-Transformation (siehe Kapitel 2.3):

Effekt	ohne Transformation	mit Rangtransformation	mit normal score-Transf.
gruppe	0.018854	0.39388	0.33077
dosis	0.0066747	0.054783	0.17853
gruppe*dosis	0.011643	0.36508	0.53687

Die o.a. robusten F-Tests sowie der BDM-Test werden mit R gezeigt, während in SPSS Varianzanalysen mit transformierten Daten durchgeführt werden.

In Kapitel 4.1 war darauf hingewiesen worden, dass im Fall ungleicher n_i und s_i^2 ein pairing überprüft werden sollte. Hierzu müssen die Zellvarianzen s_i^2 und die Zellenbesetzungszahlen n_i berechnet und miteinander korreliert werden. Für den Datensatz 3 wird dies durchgeführt.

mit R

```
si <- with(hetero,tapply(x,list(gruppe,dosis),sd))
ni <- with(hetero,table(gruppe,dosis))
cor(as.vector(si),as.vector(ni))
```

```
[1] -0.03766469
```

mit SPSS

```
Dataset Declare temp.
Aggregate
  /outfile='temp'
  /break=Gruppe Dosis
  /si=sd(x)
  /ni=NU(x).
compute si=si**2.
Correlations
  /variables=si ni.
```

```
-0.038
```

Hieraus ergibt sich also, dass kein pairing, also kein Zusammenhang zwischen den n_i und s_i^2 besteht und daher keine speziellen Verfahren für heterogene Varianzen anzuwenden sind..

4. 3. 3. 1 Verfahren von Box, Brown & Forsythe sowie Welch & James

mit R

Zunächst einmal werden für den o.a. Datensatz 2-faktorielle Varianzanalysen gerechnet, und zwar mit den oben erwähnten F-Tests von Box, Brown & Forsythe sowie von Welch & James mit Hilfe der im Anhang 3 aufgelisteten Funktionen `box.f, bf.f` bzw. `wj.anova`, wobei zu beachten ist, dass die Syntax für `wj.anova` von den anderen abweicht:

```
box.f(x~gruppe*dosis, mydata3)
bf.f(x~gruppe*dosis, mydata3)
wj.anova(mydata3, "x", "gruppe", "dosis")
```

In der Anova-Tabelle des Box-Tests werden in den Spalten Eps1 und Eps2 die Korrekturfaktoren wiedergegeben, mit denen die Zähler- bzw. Nenner-Freiheitsgrade des F-Tests multipliziert werden und dann Df1 bzw. Df2 ergeben:

```
              Eps1   Eps2   Df1   Df2 Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
gruppe       1.000 0.794 1.00 19.85   9.12   9.116   1.8895  0.1846
dosis        0.708 0.618 2.12 15.45  45.92  15.307   3.1727. 0.0677
gruppe:dosis 0.553 0.514 1.66 12.85  11.07   3.691   0.7650  0.4622
Residuals              25.00       120.62   4.825
```

In der Anova-Tabelle der Tests von Brown & Forsythe wird neben den Zählerfreiheitsgraden des F-Tests (Df) noch die Nenner-Freiheitsgarde (Df.err) ausgewiesen:

```
            Df Df.err  Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
gruppe       1 21.326   9.116  9.1162  1.4458 0.24239
dosis        3 18.618  45.922 15.3074  3.2354 0.04581 *
gruppe:dosis 3 12.422  11.072  3.6908  0.7499 0.54246
Residuals   25        120.617  4.8247
```

Im Gegensatz zu den anderen Verfahren basiert der Test von Welch & James auf der χ^2-Verteilung. Die beiden Faktoren werden in der Tabelle einfach mit „A“ (gruppe) und „B“ (dosis) ausgegeben:

```
       Chi Sq   df  P(Chi>value)
A    1.653269    1    0.22050000
B   11.738904    3    0.05450455
A:B  2.667716    3    0.53750000
```

Wie zu sehen ist, differieren die Resultate kaum. Für die Ergebnisse der Varianzanalyse mit der transformierten Variable x sei auf den Abschnitt „SPSS“ verwiesen. Im Kapitel 4.3.9 werden alle Ergebnisse für diesen Datensatz, auch die von nichtparametrischen Verfahren, gegenübergestellt.

4. 3. 3. 2 BDM-Test

mit R:

Der BDM-Test in der nichtparametrischen Version ist im Paket `asbio` u.a. als Funktion `BDM.2way` für eine 2-faktorielle Varianzanalyse enthalten. Nachfolgend ein Beispiel mit demselben oben benutzten Datensatz:

```
library(asbio)
with(mydata3, BDM.2way(x,gruppe,dosis))
```

```
Two way Brunner-Dette-Munk test

           df1      df2        F*  P(F > F*)
X1    1.000000 14.05996 0.4143377 0.53013638
X2    2.786237 14.05996 2.9306761 0.07310691
X1:X2 2.786237 14.05996 0.3190448 0.79777127
```

In der Ausgabe werden mit `X1` und `X2` die beiden Faktoren bezeichnet, hier also Gruppe (`X1`) und Dosis (`X2`). Das Testergebnis zeigt, dass der BDM-Test noch konservativer reagiert als die beiden vorher durchgeührten Tests für heterone Varianzen.

4. 3. 3. 3 Variablentransformationen

mit SPSS

Bei einer Transformation $\sqrt{x}$ erhält man bei der Überprüfung der Varianzhomogenität immerhin noch einen p-Wert von 0,051, was allerdings akzeptabel wäre. Doch bei einer Transformation *log(x)* verbessert sich das Ergebnis auf p=0,170. Die entsprechende Varianzanalyse für die Variable `lnx=ln(x)` ergibt:

Abhängige Variable: lnx					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Korrigiertes Modell	1,072[a]	7	,153	1,743	,144
Konstanter Term	112,524	1	112,524	1280,659	,000
Gruppe	,097	1	,097	1,104	,303
Dosis	,854	3	,285	3,241	,039
Gruppe*Dosis	,139	3	,046	,526	,669
Fehler	2,197	25	,088		
Gesamt	123,359	33			
Korrigierte Gesamtvariation	3,269	32			

so dass hier die log-Transformation wirklich zum Erfolg geführt hat, da zum einen die Varianzen „stabilisiert“ worden sind und zum anderen der Gruppen-Effekt signifikant ist.

4. 3. 4 Rank transform-Tests (RT)

Bei den einfachen Rank transform Tests (RT) wird lediglich vor der Durchführung der parametrischen Varianzanalyse die abhängige Variable in Ränge transformiert. Die statistischen Tests bleiben unverändert. Dieses Verfahren von Conover & Iman (1981) ist in erster Linie für metrische Variablen gedacht, die die Normalverteilungs-Voraussetzung nicht erfüllen, nicht jedoch für Variablen mit beliebigen Eigenschaften. D.h. hat die untransformierte Variable x ungleiche Varianzen, so kann das auch noch für die rangtransformierte Variable R(x) gelten. Daher ist es sinnvoll, auch R(x) auf Varianzhomogenität zu überprüfen und gegebenenfalls entweder einen der Tests in Kapitel 4.3.3 oder eine weniger empfindliche Methode zu benutzen, z.B. das INT-Verfahren oder den v.d.Waerden-Test, die in den folgenden Kapiteln vorgestellt werden. Für die beiden nachfolgend benutzten Datensätze erübrigt sich dies allerdings, da in Kapitel 4.3.2 für diese keine Varianzinhomogenitäten nachgewiesen worden waren.

Das Verfahren wird sowohl am ersten Datensatz (`mydata1`) als auch am zweiten (`mydata2`) demonstriert.

mit R:

Für das o.a. erste Beispiel (Daten `mydata1`) sind die Anweisung wie folgt zu modifizieren:

```
mydata1 <- within(mydata1,{drugs<-factor(drugs);
                  patients<-factor(patients); rx<-rank(x)})
aov1r   <- aov(rx~patients*drugs,mydata1)
summary (aov1r)
```

mit dem Ergebnis:

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
patients       1  72.00   72.00   6.680 0.02389 *
drugs          2  56.58   28.29   2.625 0.11333
patients:drugs 2 217.58  108.79  10.094 0.00268 **
Residuals     12 129.33   10.78
```

Tabelle 4-5

Für das o.a. zweite Beispiel lauten die Anweisungen:

```
mydata2 <- within(mydata2,{drugs<-factor(drugs);
                group<-factor(group); rx<-rank(x)})
aov2r   <- aov(rx~group*drugs,mydata2)
drop1 (aov2r, ~., test="F")
```

mit der Ausgabe:

```
rx ~ group * drugs
           Df Sum of Sq    RSS    AIC F value    Pr(>F)
<none>                  1083.8 131.23
group       1    364.17 1448.0 138.79  8.4003 0.0076982 **
drugs       3   1157.72 2241.5 149.21  8.9018 0.0003464 ***
group:drugs 3    464.61 1548.4 137.00  3.5724 0.0281287 *
```

Tabelle 4-6

mit SPSS:

Zunächst muss über das Menü „Transformieren -> Rangfolge bilden“ bzw. über die Syntax

```
Rank variables=x (A)  /rank into Rx.
```

x in Ränge transformiert werden, woraus die neue Variable `Rx` resultiert. Die Varianzanalyse für Rx:

Abhängige Variable: Rank of x					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Korrigiertes Modell	346,167[a]	5	69,233	6,424	,004
patients	72,000	1	72,000	6,680	,024
drugs	56,583	2	28,292	2,625	,113
patients * drugs	217,583	2	108,792	10,094	,003
Fehler	129,333	12	10,778		

Tabelle 4-7

Für das o.a. zweite Beispiel:

Abhängige Variable: Rank of x					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Korrigiertes Modell	1820,713[a]	7	260,102	6,000	,000
group	364,168	1	364,168	8,400	,008
drugs	1157,722	3	385,907	8,902	,000
group * drugs	464,611	3	154,870	3,572	,028
Fehler	1083,787	25	43,352		

Tabelle 4-8

Wie ein Vergleich mit den Ergebnissen der parametrischen Varianzanalyse (vgl. Kapitel 4.3.2) zeigt, weichen die Ergebnisse des Rank transform Tests nur geringfügig ab.

4. 3. 5 Puri & Sen (Verallgemeinerte Kruskal-Wallis- und Friedman-Analysen)

Diese Verfahren gehen gegenüber dem RT-Verfahren einen Schritt weiter: Es werden nicht die F-Tests verwendet, sondern aus den Streuungsquadratsummen (SS, Sum of Sq) werden χ^2-Tests konstruiert. Diese sind als Verallgemeinerung des Kruskal-Wallis-H-Test anzusehen, da diese im 1-faktoriellen Fall mit letzterem identisch sind.

Die χ^2-Werte haben den Aufbau (vgl. Formel 2-6):

$$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{total}}$$

wobei SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (SS, Sum of Squares) des zu testenden Effektes (A, B oder A*B) ist und MS_{total} die Gesamtvarianz (MS, Mean Square). Sie haben die gleichen Freiheitsgrade wie der Zähler des entsprechenden F-Tests.

Da bei der Errechnung der Testgröße nicht die Reduzierung des Fehlers durch andere im Versuchsplan berücksichtigte Faktoren eingeht, hat er zwangsläufig eine geringere Effizienz wie z.B. der o.a. Rank transform Test, der die in Kapitel 4.3.1.3 erwähnte Fehlerreduzierung durch mehrfaktorielle Designs ausnutzt, oder der unten aufgeführte ART.

Natürlich könnte man die o.a. χ^2-Werte mit dem Taschenrechner ausrechnen und mit den kritischen Werten in den klassischen Tafelwerken vergleichen. Z.B. für den Test von Faktor `patients` (aus dem ersten Datensatz `mydata1`) errechnet man zunächst MS_{total} = 27,94. In SPSS ist dieser Wert aus der Zeile `Korrigierte Gesamtvariation` zu entnehmen (vgl. Tabelle 4-7: 475,500/17), während in R die SS und df aufzusummieren sind (vgl. Tabelle 4-5: (72,0 + 56,58 + 217,58 + 129,33) / (1 + 2 + 2 + 12)). Anschließend die Testgröße:

$$\chi^2_{patients} = \frac{72,0}{27,94} = 2,58$$

Da der kritische Wert bei 1 Fg bei einem α=0.05 3,84 beträgt, bestätigt der errechnete χ^2-Wert, dass die Patientengruppen keinen signifikanten Einfluss haben.

Mit SPSS ist man auch darauf beschränkt. Mit R lassen sich allerdings diese Schritte auch „programmieren“.

Nachfolgend wird das Verfahren mit R an den Beispieldaten 1 (`mydata1`) und 2 (`mydata2`) demonstriert, mit SPSS nur am ersten Datansatz.

mit R:

An dieser Stelle sollen die Berechnungen mit der Funktion `aov` durchgeführt werden. Die alternative Verwendung von `ezANOVA` wird in Kapitel 5 gezeigt.

Die o.a. Anova-Tabelle 4-5 `aov1r` für das erste Beispiel wird nun weiterverarbeitet.

- Als erstes ist das Objekt `aov1r` mithilfe der Funktion `anova` zu wandeln, damit die Werte in einer Matrix einzeln ansprechbar sind.

- Zunächst muss MS_{total} als Summe der Sum Sq-Spalte (2. Spalte) dividiert durch die Summe der df-Spalte (1. Spalte) berechnet werden.
- Anschließend wird die 2. Spalte durch die MS_{total} dividiert.
- Errechnen der p-Werte mit der Funktion `pchisq` unter Verwendung der Freiheitsgrade der F-Werte in der 1. Spalte.
- Zum Schluss wird aus den Berechnungen ein Dataframe erstellt, für den die Effektnamen (Zeilennamen) von `aov1x` übernommen werden.

D.h. die oben in Kapitel 4.3.4 angeführten R-Kommandos sind zu ergänzen um:

```
aov1x   <- anova(aov1r)
mstotal <- sum(aov1x[,2])/sum(aov1x[,1])
chisq   <- aov1x[,2]/mstotal
df      <- aov1x[,1]
pvalues <- 1-pchisq(chisq,df)
aov1y   <- data.frame(chisq,df,pvalues)
row.names(aov1y) <- row.names(aov1x)
aov1y[1:3,]
```

Die daraus resultierende Ausgabe:

```
                  chisq df    pvalues
patients       2.574132  1 0.10862364
drugs          2.022958  2 0.36368065
patients:drugs 7.779005  2 0.02045552
```

Tabelle 4-9

Ein Vergleich mit den Tabellen 4-1 und 4-5 zeigt, dass in diesem Fall nicht alle Signifikanzen der parametrischen bzw. der Rank transform Tests mit den Puri & Sen-Tests reproduziert werden können. Anzumerken ist noch, dass das Testergebnis für den Faktor `drugs` (wie vorher bereits darauf hingewiesen) identisch ist mit dem Kruskal-Wallis H-Test, der 1-faktoriellen Analyse (vgl. Kapitel 4.2.1).

Für das o.a. zweite Beispiel sind auch hier wegen des unbalancierten Versuchsplans ein paar zusätzliche Schritte erforderlich. Insbesondere werden mit `drop1` die Streuungsquadrate vom Typ III ermittelt. Die Berechnung von MS_{total} erfolgt wie oben aus der ursprünglichen Varianazanalyse `aov2r` durch Summation der Streuungsquadratsummen `aov2x[,2]` und Residuen `aov2x[,1]`. `aov2r` muss wie im vorigen Beipiel mit `anova` in ein verarbeitbares Format gebracht werden. Zu beachten ist, dass die Ausgabe von `drop1`, auf `aov2s` gespeichert, eine redundante 1. Zeile enthält (vgl. Tabelle 4-6).

```
mydata2 <- within(mydata2,{drugs<-factor(drugs);
                  group<-factor(group); rx<-rank(x)})
aov2r   <- aov(rx~group*drugs,mydata2)
aov2s   <- drop1(aov2r, ~. , test="F")
aov2x   <- anova(aov2r)
mstotal <- sum(aov2x[,2])/sum(aov2x[,1])
chisq   <- aov2s[,2]/mstotal
df      <- aov2s[,1]
pvalues <- 1-pchisq(chisq,df)
aov2y   <- data.frame(chisq,df,pvalues)
row.names(aov2y) <- row.names(aov2s)
aov2y[2:4,]
```

mit der Ausgabe:

```
                chisq df     pvalues
group        4.012175  1 0.045172850
drugs       12.755071  3 0.005197361
group:drugs  5.118797  3 0.163302051
```

Tabelle 4-10

Ein Vergleich mit den Tabellen 4-2 und 4-6 zeigt, dass auch in diesem Fall nicht alle Signifikanzen der parametrischen bzw. der Rank transform Tests mit den Puri & Sen-Tests reproduziert werden können.

Alternativ können die Puri & Sen-Tests auch mit der Funktion `np.anova` (vgl. Anhang 3.6) durchgeführt werden. Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Nachfolgend die Ein- und Ausgabe:

```
np.anova(x~group*drugs,mydata2)
```

```
generalized Kruskal-Wallis/Friedman (Puri & Sen) tests including Iman
& Davenport F-tests
            Df  Sum Sq  Chi Sq  Pr(>Chi)
group        1  189.00  2.0823  0.149017
drugs        3 1157.72 12.7551  0.005197
group:drugs  3  464.61  5.1188  0.163302
Residuals   25 1083.79
```

mit SPSS:

Ausgangsbasis ist die Anova-Tabelle 4-7. Zunächst muss die Gesamtvarianz MS_{total}, in SPSS *korrigierte Gesamtvariation* bezeichnet, berechnet werden, da nur die Quadratsumme und Freiheitsgrade ausgegeben werden, nicht aber das Mittel der Quadrate (Mean Square):

$$MS_{total} = \frac{475}{17} = 27,94$$

Anschließend werden für jeden Effekt die χ^2-Werte errechnet:

$$\chi^2_{patients} = \frac{72}{27,94} = 2,58 \qquad df_{patients} = 1$$

$$\chi^2_{drugs} = \frac{56,68}{27,94} = 2,03 \qquad df_{drugs} = 2$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{217,53}{27,94} = 7,78 \qquad df_{Interaktion} = 2$$

Die 5%-Schranken für die χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 für df=1 bzw. 6,0 für df=2. Somit liegt nur ein signifikanter Interaktionseffekt vor. Ein Vergleich mit den Tabellen 4-3 und 4-7 zeigt, dass in diesem Fall nicht alle Signifikanzen der parametrischen bzw. der Rank transform Tests mit den Puri & Sen-Tests reproduziert werden können.

Auf die Berechnung für das zweite Beispiel kann hier verzichtet werden, da in SPSS nicht zwischen balancierten und unbalancierten Versuchsplänen unterschieden werden muss.

4. 3. 6 Aligned rank transform (ART und ART+INT)

Verschiedene Studien, u.a. von Sawilowsky, S., Blair, R. C., & Higgins, J. J. (1989), haben gezeigt, dass für den Test der Interaktion, insbesondere nach dem o.a. Rank transform-Verfahren, der Fehler 1. Art nicht immer korrekt eingehalten wird, d.h. dass mehr Interaktionen zufällig signifkant sind, als es das vorgegebene α zulässt. Als Ursache wird angesehen, dass der Test der Interaktion nicht von den Tests der beiden Haupteffekte unabhängig ist. Als Lösung wird propagiert, zunächst ein komplettes Modell zu analysieren, anschließend für dessen Residuen die beiden Haupteffekte herauszupartialisieren, dann diese bereinigten Residuen in Ränge umzurechnen, um schließlich wiederum ein normales Modell mit Interaktion zu rechnen. Die Streuungsquadrate für die Haupteffekte sollten dann bei diesem Modell bei Null liegen. Die Haupteffekte sind dann aus der Analyse des ersten Modells zu entnehmen. Beim zweiten Modell interessiert dann lediglich der Test für die Interaktion. Im Folgenden werden auch zur Demonstration ART-Tests der Haupteffekte durchgeführt, wenn das auch nicht erforderlich und wie in Kapitel 2.4 erwähnt nicht angebracht ist.

Die Schritte im Einzelnen:

- Durchführung einer (normalen) Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten.
- Speichern der Residuen (e_m),
- Eliminieren des zu untersuchenden Effekts aus den Residuen:

  Interaktionseffekt: $e_m + (\overline{ab}_{ij} - \bar{a}_i - \bar{b}_j + 2\bar{x})$

  Haupteffekte: $e_m + (\bar{a}_i + \bar{b}_j - x)$

  bzw. wenn beide Haupteffekte separat getestet werden sollen:

  Haupteffekt A: $e_m + \bar{a}_i$

  Haupteffekt B: $e_m + \bar{b}_j$

  bzw. im Fall einer 3-faktoriellen Varianzanalyse für die 3-fach-Interaktion:

  Interaktionseffekt: $e_m + (\overline{abc}_{ijl} - \overline{ab}_{ij} - \overline{ac}_{il} - \overline{bc}_{jl} + \bar{a}_i + \bar{b}_j + \bar{c}_l)$
- Umrechnung der bereinigten Residuen in Ränge.
- Durchführung einer normalen Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten mit den Rängen, aus der dann der untersuchte Effekt abgelesen werden kann.

Es wird empfohlen (siehe Mansouri & Chang, 1995 sowie Carletti & Claustriaux, 2005) anschließend die Ränge in normal scores (vgl. Kapitel 2.3) umzurechnen, um einerseits etwaige falsche Signifikanzen abzuschwächen und andererseits eine größere Power zu erhalten.

Es soll nun im Folgenden für den Beispieldatensatz 2 überprüft werden, ob die oben ausgewiesene Signifikanz der Interaktion garaniert ist.

mit R:

Zunächst die Durchführung des Verfahrens „per Hand“, d.h. das Alignment, also die Umrechnung der Werte wird elementar vorgenommen.

Dazu wird als erstes für x die klassische Anova errechnet (`aov3`) und daraus die Residuen extrahiert. Zu den Residuen werden dann einmal zur Ermittlung der Interaktion dieser Effekt addiert (`rab`) sowie einmal zur Ermittlung des Haupteffekte die entsprechende Effekt addiert (`ra` und `rb`). Anschließend werden die bereinigten Residuen in Ränge transformiert (`rabr` bzw. `rar`). Zur Überprüfung der Interaktion bzw. der Haupteffekte wird jeweils ein

komplettes Modell mit diesen Residuenrängen analysiert. Gemäß den Anmerkungen in Kapitel 3.3 zu Fehlern bei der Rangberechnung empfiehlt es sich, vorher die bereinigten Residuen mittels `round` auf 7 Dezimalstellen zu runden.

```
mydata2 <- within(mydata2,{drugs<-factor(drugs); group<-factor(group)})
aov3   <- aov(x~group*drugs,mydata2)
rab    <- aov3$residuals
ra     <- rab
                                                  # Zellenmittelwerte
mij <- ave(mydata2[,3],mydata2[,1],mydata2[,2],FUN=mean)
ai  <- ave(mydata2[,3],mydata2[,1],FUN=mean) # Effekte Faktor A
bj  <- ave(mydata2[,3],mydata2[,2],FUN=mean) # Effekte Faktor B
mm  <- mean(mydata2[,3])                      # Gesamtmittel
                                              # Bereinigung der Residuen
rab <- rab +(mij-ai-bj+2*mm)                  #   Interaktion
ra  <- ra  +(ai+bj-mm)                        #   Haupteffekte
rabr <- rank(round(rab,digits=7))             # Runden und
rar  <- rank(round(ra,digits=7))              #   Umrechnung in Ränge
aov3ab <- aov(rabr~group*drugs,mydata2)       # Anova Interaktion
drop1(aov3ab, ~. , test="F")                 # Ergebnis Interaktionseffekt
aov3a  <- aov(rar~group*drugs,mydata2)       # Anova Haupteffekte
drop1(aov3a, ~. , test="F")                  # Ergebnis Haupteffekte
```

mit den Ergebnissen für den Interaktionseffekt:

```
rabr ~ group * drugs
           Df Sum of Sq    RSS    AIC F value  Pr(>F)
<none>                  2094.9 152.97
group       1     15.16 2110.1 151.21  0.1809 0.67423
drugs       3      2.48 2097.4 147.01  0.0099 0.99862
group:drugs 3    876.49 2971.4 158.51  3.4866 0.03058 *
```

sowie für die Haupteffekte:

```
rar ~ group * drugs
           Df Sum of Sq    RSS    AIC F value    Pr(>F)
<none>                  1223.2 135.22
group       1    363.94 1587.1 141.81  7.4385 0.0115045 *
drugs       3   1407.31 2630.5 154.49  9.5879 0.0002159 ***
group:drugs 3      4.14 1227.3 129.33  0.0282 0.9934370
```

Tabelle 4-11

Vergleicht man diese Ergebnisse mit dem Ergebnis der Rank transform Tests von x (vgl. Tabelle 4-6), können sowohl die Interaktion als auch die Haupteffekte als gesichert angesehen werden. Es sei noch angemerkt, dass die beiden o.a. Ergebnisse für die Interaktion sowie die Haupteffekte ohne die Rundung mittels `round` leicht von den obigen abweichen.

Seit Anfang 2015 wird das Paket `ARTool` für R zur Verfügung gestellt, mit dessen Hilfe die Umrechnung der Werte bequem vorgenommen werden kann. Dazu dient die Funktion `art`, die u.a. unter `$aligned.ranks` die Ränge der umgerechneten Werte für alle Effekte als Dataframe enthält. Die beiden Argumente der Funktion sind mit denen von `aov` identisch. Doch Vorsicht: die Namen der Variablen sind die Namen der Effekte, in diesem Beispiel also `group, drugs` und `group:drugs`, also in der Regel mit den Faktornamen identisch und sollten daher umbenannt werden.

Nachfolgend die Durchführung des ART-Verfahrens zur Ermittlung des bereinigten Tests für die Interaktion. `mydata2a` ist das Ergebnis von `art`, das mit dem Ausgangsdatensatz mittels `cbind` zusammengeführt wird. Dabei erhalten die Variablennamen durch die Angabe `aligned=` das Präfix `aligned`, z.B. `aligned.drugs`, werden aber anschließend umbenannt.

```
library(ARTool)
mydata2a <- art(x~group*drugs,mydata2)$aligned.ranks
mydata2x  <- cbind(mydata2,aligned=mydata2a)
names(mydata2x)[4:6] <- c("a.g","a.d","a.gd")
drop1(aov(a.gd~group*drugs,mydata2x), ~. , test="F")
```

```
a.gd ~ group * drugs
            Df Sum of Sq    RSS    AIC F value  Pr(>F)
<none>                   2094.9 152.97
group        1     15.16 2110.1 151.21  0.1809 0.67423
drugs        3      2.48 2097.4 147.01  0.0099 0.99862
group:drugs  3    876.49 2971.4 158.51  3.4866 0.03058 *
```

Für die Umrechnung in normal scores, d.h. Anwendung des ART+INT-Verfahrens, sind zusätzlich zu den zuletzt angeführten noch die folgenden Anweisungen erforderlich, zunächst mit `n.gd` für den Interaktionseffekt, danach mit `n.g` und `n.d` für die beiden Haupteffekte:

```
nc     <- dim(mydata2)[1]
n.gd   <- qnorm(mydata2x$a.gd/(nc+1))
drop1(aov(n.gd~group*drugs,mydata2x), ~. , test="F")
n.g    <- qnorm(mydata2x$a.g/(nc+1))
drop1(aov(n.g~group*drugs,mydata2x), ~. , test="F")
n.d    <- qnorm(mydata2x$a.d/(nc+1))
drop1(aov(n.d~group*drugs,mydata2x), ~. , test="F")
```

Hier lediglich die Ausgabe für den Test der Interaktion:

```
n.gd ~ group * drugs
            Df Sum of Sq    RSS     AIC F value  Pr(>F)
<none>                   19.020 -2.1839
group        1    0.8859 19.906 -2.6815  1.1645 0.29084
drugs        3    0.0384 19.058 -8.1174  0.0168 0.99695
group:drugs  3    7.8930 26.913  3.2711  3.4582 0.03144 *
```

Alternativ kann das ART+INT-Verfahren auch bequem über die Funktion `art1.anova` (vgl. Anhang 3) durchgeführt werden. Diese Funktion dient primär dem ART-Verfahren (alternativ zu der o.a. Funktion `art` des Pakets `ARTool`), doch über den Parameter `INT=T` wird nach der Rangbildung noch die Transformation in normal scores vorgenommen:

```
art1.anova(x~group*drugs,mydata2,INT=T)
```

mit SPSS:

- Zunächst wird für x die klassische Anova (`Unianova`) errechnet und dabei die Residuen gespeichert.
- Dann müssen mittels `Aggregate` die Effekte als Mittelwerte für die Gruppen ermittelt werden: `mij` für die Interaktion, `ai` für Faktor `group` und `bj` für Faktor `drugs`. Diese werden in die Arbeitsdatei eingefügt.

- Zu den Residuen werden dann einmal zur Ermittlung der Interaktion dieser Effekt addiert (`rab`) sowie einmal zur Ermittluing der Haupteffekte deren Effekte addiert (`ra` und `rb`).
- Anschließend werden die bereinigten Residuen in Ränge transformiert (`rabr` bzw. `rar`).
- Zur Überprüfung der Interaktion bzw. der Haupteffekte wird jeweils ein komplettes Modell mit diesen Residuenrängen analysiert.

```
Unianova  x by group drugs
  /save=resid (rab)
  /design=group drugs group*drugs.

Compute ra=rab.

Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=group drugs    /mij=mean(x).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=group    /ai=mean(x).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=drugs    /bj=mean(x).

Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=         /mm=mean(x).

Compute rab=rab + (mij - ai - bj + 2*mm).
Compute ra =ra  + (ai + bj - mm).

Rank variables=ra rab (A)
  /rank into rar rabr.

Unianova  rabr by group drugs
  /design=group drugs group*drugs.
Unianova  rar by group drugs
  /design=group drugs group*drugs.
```

mit den Ergebnissen für den Interaktionseffekt:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
group	10,592	1	10,592	,131	,721
drugs	40,762	3	13,587	,167	,917
group * drugs	938,767	3	312,922	3,856	,021
Fehler	2028,817	25	81,153		

sowie für die Haupteffekte:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
group	319,765	1	319,765	5,638	,026
drugs	1267,690	3	422,563	7,450	,001
group * drugs	8,802	3	2,934	,052	,984
Fehler	1418,017	25	56,721		

Tabelle 4-12

Vergleicht man diese Ergebnisse mit dem Ergebnis der Rank transform Tests von x (vgl. Tabelle 4-8), können sowohl die Interaktion als auch die Haupteffekte als gesichert angesehen werden.

Für die Umrechnung in normal scores, d.h. Anwendung des ART+INT-Verfahrens, sind noch zusätzlich die folgenden Anweisungen erforderlich:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(x).

Compute nsar=Idf.normal(rar/(nc+1),0,1).
Compute nsabr=Idf.normal(rabr/(nc+1),0,1).

Unianova  nsabr by group drugs
  /design=group drugs group*drugs.
Unianova  nsar by group drugs
  /design=group drugs group*drugs.
```

mit den Ergebnissen für den Interaktionseffekt:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
group	,009	1	,009	,011	,916
drugs	,038	3	,013	,017	,997
group * drugs	7,893	3	2,631	3,458	,031
Fehler	19,020	25	,761		

sowie für die Haupteffekte:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
group	3,309	1	3,309	7,403	,012
drugs	12,785	3	4,262	9,535	,000
group * drugs	,075	3	,025	,056	,982
Fehler	11,173	25	,447		

4. 3. 7 normal scores- (INT-) und van der Waerden-Tests

Bei der einfachen *inverse normal transformation* (INT) wird lediglich vor der Durchführung der parametrischen Varianzanalyse zunächst die abhängige Variable *x* in Ränge R(*x*) transformiert und anschließend über die inverse Normalverteilung in normal scores ungerechnet:

$$nscore_i = \Phi^{-1}(R(x_i)/(N+1))$$

wobei *N* die Anzahl der Werte ist und ϕ^{-1} die Umkehrfunktion der Normalverteilung. Die statistischen Tests bleiben unverändert. Dieses Verfahren ist wie beim o.a. RT-Verfahren in erster Linie für metrische Variablen gedacht, die die Normalverteilungs-Voraussetzung nicht erfüllen, nicht jedoch für Variablen mit beliebigen Eigenschaften. D.h. hat die untransformierte Variable x ungleiche Varianzen, so kann das auch noch für die transformierte Variable nscore gelten. So kann es sinnvoll sein, gegebenenfalls auch nscore auf Varianzhomogenität zu überprüfen und gegebenenfalls einen der Tests in Kapitel 4.3.3 oder den anschließend vorgestellten van der Waerden-Test zu benutzen. In den nachfolgenden Beispielen wird darauf verzichtet, da bereits die nichttransformierten Daten homogen sind.

Bei dem Verfahren von *van der Waerden* werden anstatt der „klassischen“ F-Tests die χ^2-Tests des Kruskal-Wallis-Tests bzw. wie bei der o.a. Puri & Sen-Methode gerechnet. Die χ^2-Werte haben den Aufbau (vgl. Formel 2-6a):

$$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{total}}$$

wobei SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (SS, Sum of Squares) des zu testenden Effektes (A, B oder A*B) ist und MS_{total} die Gesamtvarianz (MS, Mean Square). Sie haben die gleichen Freiheitsgrade wie der Zähler des entsprechenden F-Tests. (Vgl. auch Kapitel 4.3.5.)

Im folgenden Beispiel wird der zuletzt benutzte Datensatz `mydata2` verwendet.

mit R:

Wegen des nichtbalancierten Versuchsplans müssen zunächst mittels `option` die Standard-Kontraste zugewiesen werden sowie nach der Anova mit `aov` mittels `drop1` Quadratsummen vom Typ III errechnet werden. `nc` enthält die Anzahl der Merkmalsträger, die bei der Umrechnung in normal scores einfließt.

```
options (contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
nc     <- dim(mydata2)[1]
Rx     <- rank(x)
nsx    <- qnorm(Rx/(nc+1))
aov2ns <- aov(nsx~group*drugs,mydata2)
aov2ns1<- drop1(aov2ns, ~. , test="F")
```

Diese Anweisungen dienen zunächst für die Analyse der normal scores (INT-Verfahren) mit folgendem Ergebnis:

```
Model:
nsx ~ group * drugs
            Df Sum of Sq     RSS      AIC F value    Pr(>F)
<none>                    9.3768 -25.5229
group        1    2.9521 12.3289 -18.4905  7.8708 0.0095852 **
drugs        3   10.6917 20.0684  -6.4128  9.5019 0.0002289 ***
group:drugs  3    4.1290 13.5058 -19.4817  3.6696 0.0256032 *
```

Tabelle 4-13

Für die Durchführung der van der Waerden-Tests sind noch zusätzlich die folgenden Anweisungen erforderlich, um die χ^2-Tests durchzuführen (vgl. auch das Beispiel in Kapitel 4.3.5):

```
aov2ns  <- anova(aov2ns)
mstotal <- sum(aov2ns[,2])/sum(aov2ns[,1])
chisq   <- aov2ns[,2]/mstotal
df      <- aov2ns[,1]
pvalues <- 1-pchisq(chisq,df)
aov2vdw <- data.frame(chisq,df,pvalues=round(pvalues,digits=5))
row.names(aov2vdw) <- row.names(aov2ns1)
aov2vdw[2:4,]
```

```
                chisq df pvalues
group         3.710002  1 0.05409
drugs        13.436428  3 0.00378
group:drugs   5.189060  3 0.15847
```

Ein Vergleich mit den Tabellen 4-6 und 4-13 zeigt, dass in diesem Fall nicht alle Signifikanzen der Rank transform Tests bzw. des einfachen normal scores-Tests mit den van der Waerden-Tests reproduziert werden können.

Alternativ kann das van der Waerden-Verfahren auch mit der Funktion `np.anova` (vgl. Anhang 3.6) durchgeführt werden. Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Über den Zusatz method=1 werden anstatt Puri & Sen-Tests van der Waerden-Tests durchgeführt. Nachfolgend die Ein- und Ausgabe:

```
np.anova(x~group*drugs,mydata2,method=1)
```

```
generalized van der Waerden tests
            Df  Sum Sq  Chi Sq  Pr(>Chi)
group        1  2.9521  3.7100  0.054087
drugs        3 10.6917 13.4364  0.003782
group:drugs  3  4.1290  5.1891  0.158465
Residuals   25  9.3768
```

mit SPSS:

Die Rang-Transformation sowie die Umrechnung in normal scores werden zweckmäßigerweise über das Syntax-Fenster vorgenommen. Das für die Umrechnung erforderliche *n* (Anzahl der Fälle, Variable `nc`) wird über `Aggregate` ermittelt. Die Ergebnisvariable wird `nsx` genannt:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(x).
Rank Variables=x / rank into Rx.
compute nsx=Idf.normal(Rx/(nc+1),0,1).
execute.
```

Abhängige Variable: nsx					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Korrigiertes Modell	16,086[a]	7	2,298	6,127	,000
Konstanter Term	,163	1	,163	,435	,516
group	2,952	1	2,952	7,871	,010
drugs	10,692	3	3,564	9,502	,000
group * drugs	4,129	3	1,376	3,670	,026
Fehler	9,377	25	,375		
Gesamt	25,463	33			
Korrigierte Gesamtvariation	25,463	32			

Tabelle 4-14

Für den van der Waerden-Test müssen wie beim Puri & Sen-Test (Kapitel 4.3.5) χ^2-Werte errechnet werden. Zunächst muss die Gesamtvarianz MS_{total}, in SPSS *korrigierte Gesamtvariation* bezeichnet, berechnet werden, da nur die Quadratsumme und Freiheitsgrade ausgegeben werden, nicht aber das Mittel der Quadrate (Mean Square):

$$MS_{total} = \frac{25,46}{32} = 0,796$$

Anschließend werden für jeden Effekt die χ^2-Werte errechnet:

$$\chi^2_{group} = \frac{2,95}{0,796} = 3,71 \qquad df_{patients} = 1$$

$$\chi^2_{drugs} = \frac{10,69}{0,796} = 13,43 \qquad df_{drugs} = 3$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{4,13}{0,796} = 5,19 \qquad df_{Interaktion} = 3$$

Die 5%-Schranken für die χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 für df=1 bzw. 7,8 für df=3. Somit liegt nur ein signifikanter Haupteffekt (Faktor `drugs`) vor. Ein Vergleich mit den Tabellen 4-8 und 4-14 zeigt, dass in diesem Fall nicht alle Signifikanzen der Rank transform Tests bzw. des einfachen normal scores-Tests mit den van der Waerden-Tests reproduziert werden können.

4. 3. 8 ATS-Tests von Akritas, Arnold & Brunner

Im Gegensatz zum RT-, dem INT- oder dem ART-Verfahren sind, steckt in den Tests von Akritas, Arnold & Brunner sehr viel mehr Mathematik. Die Berechnung ist vergleichsweise kompliziert, so dass sie in SPSS nicht möglich ist und in R einen erheblichen Programmieraufwand erfordert. Sie ist allerdings sehr übersichtlich dokumentiert in dem Buch von Edgar Brunner und Ullrich Munzel (2013). Entsprechende R-Funktionen wurden in Kapitel 3.1 vorgestellt.

mit R:

Das Verfahren soll am 2. Datensatz demonstriert werden. Dazu wird die Funktion `rankFD` benutzt. Alternativ kann die Funktion `GFD` aus dem Paket `GFD` angewandt werden, wenn die Vermutung inhomogener Varianzen besteht. Dafür müssen allerdings konservativere Ergebnisse in Kauf genommen werden. Nachfolgend die Anweisungen für beide Funktionen sowie die Ausgabe für `rankFD`:

```
library(rankFD)
rankFD(x~group*drugs,mydata2)$ANOVA.Type.Statistic
GFD(x~group*drugs,mydata2,nperm=1)$ATS
```

```
            Statistic      df1      df2     p-Value
group        10.11375 1.000000 13.40492 0.006998751
drugs        10.11411 2.279963 13.40492 0.001631986
group:drugs   3.71235 2.279963 13.40492 0.047601610
```

die zeigt, dass mit diesem Verfahren alle drei Signifikanzen der Rank transform Tests (vgl. Tabelle 4-6) und des ART (vgl. Tabelle 4-11) reproduziert werden können.

4. 3. 9 Bredenkamp Tests

Der Test von Bredenkamp ist ein Spezialfall der Tests von Puri & Sen, und zwar ausschließlich für balancierte Versuchspläne. Er bedient sich des H-Tests von Kruskal-Wallis, also nur der 1-faktoriellen Varianzanalyse, und ist sehr einfach durchzuführen. Dabei ist zu bedenken, dass dieses Verfahren noch aus einer Zeit stammt, bevor die (inzwischen vielen) neueren Verfahren zur nichtparametrischen Varianzanalyse publiziert waren.

Das Verfahren beruht auf der Additivität des χ^2-Tests. Die Tests für die Haupteffekte A und B werden wie gewohnt mit dem H-Test durchgeführt. Anschließend wird ein H-Test über alle Zellen hinweg gerechnet. Von diesem χ^2-Wert werden die Werte aus den H-Tests für Faktor A und Faktor B subtrahiert. Das Ergebnis ist der χ^2-Wert für die Interaktion. Analog werden die Freiheitsgrade ermittelt. Vgl. obige Tabelle.

H-Testwerte (χ^2-Werte)	Freiheitsgrade
χ^2_{AB} $-\chi^2_A$ $-\chi^2_B$	*IJ-1* *I-1* *J-1*
$\chi^2_{AB} - \chi^2_A - \chi^2_B$	*(I-1)(J-1)*

Da das Prozedere mit R und SPSS gleichermaßen abläuft, soll hier nur mit SPSS ein Beispiel durchgerechnet werden.

mit SPSS:

Es wird hier eine 2-faktorielle Varianzanalyse für das erste Datenbeispiel durchgeführt, das einen balancierten Versuchsplan beinhaltet. Zunächst müssen die Zellen für den ersten H-Test einmal durchnummeriert werden:

Durchnummerierung der Zellen:= (Patients - 1)*#Drugs + Drugs

Anschließend werden H-Tests für die Zellen, für Faktor `patients` und Faktor `drug` gerechnet. Die SPSS-Syntax hierfür:

```
Compute zelle=(patients-1)*3 + drugs.
Nptests  /independent test (x) group (zelle) kruskal_wallis.
Nptests  /independent test (x) group (paatients) kruskal_wallis.
Nptests  /independent test (x) group (drugs) kruskal_wallis.
```

Die SPSS-Ergebnisse sind in folgender Tabelle zusammengefasst:.

Effekt	H-Testwerte (χ^2-Werte)	Freiheitsgrade	Signifikanz
Zellen	12,376	5	
patients	2,574	1	n.s. (< 3,8)
drugs	2,023	2	n.s. (< 3,8)
patients*drugs	7,779	2	s. (> 6,0)

Tabelle 4-15

Diese Ergebnisse decken sich mit denen aus den Tests von Puri & Sen (vgl. Tabelle 4-9).

4. 4 Nichtparametrische Verfahren zur mehrfaktoriellen Varianzanalyse

Die in 4.3. vorgestellten Verfahren lassen sich alle ohne Weiteres auf drei und mehr Faktoren erweitern. Lediglich für die in 4.3.3 vorgestellten Verfahren für ungleiche Varianzen liegen nur 2-faktorielle Lösungen vor.

4. 5 Fazit

Egal ob das zu analysierende Merkmal metrisch ist oder ordinales Skalenniveau mit einer geringen Anzahl von Ausprägungen hat, sollte man zunächst die Voraussetzungen prüfen und danach entscheiden, ob überhaupt in Anbetracht der Robustheit der Varianzanalyse ein nichtparametrisches Verfahren erforderlich ist. Die einfachsten Wege der nichtparametrischen Varianzanalyse sind natürlich der simple Rank transform Test (RT) und die normal scores-Tests (INT). Letzterer hat eine relativ hohe Effizienz hat und kann gegenüber dem RT-Verfahren einige Bedenken bei einer signifikanten Interaktion ausräumen. Mit dem etwas aufwändigeren van der Waerden-Test ist man allerdings auf der sicheren Seite hinsichtlich der Kontrolle des Fehlers 1. Art, leider auf Kosten der Power, insbesondere bei kleinen Stichproben wie denen aus den angeführten Beispielen.

Abschließend werden für die drei benutzten Datensätze die Ergebnisse aller Verfahren, und zwar die p-Werte für alle drei Effekte, in einer Tabelle gegenüber gestellt. Dabei sind nicht alle hier aufgeführten Ergebnisse in den vorangegangenen Kapiteln wiedergegeben worden. DIese zeigen jedoch, wie wenig die Ergebnisse der einzelnen Verfahren voneinander abweichen..

.Ergebnisse für den Datensatz 1 (`mydata1`):

Verfahren	patients	drugs	Interaktion
parametrisch	0.014	0.106	0.006
Rank transform Test (RT)	0.024	0.113	0.003
Aligned Rank Transform (ART)	0.019	0.116	0.005
ART+INT	0.123	0.318	0.006
Puri & Sen-Tests / Bredenkamp Tests	0.109	0.364	0.020
normal scores (INT)	0.027	0.126	0.005
van der Waerden	0.102	0.354	0.027
Akritas, Arnold & Brunner ATS	0.029	0.129	0.005

.Ergebnisse für den Datensatz 2 (`mydata2`):

Verfahren	group	drugs	Interaktion
parametrisch	0.012	0.001	0.026
Rank transform Test (RT)	0.008	0.001	0.028
Aligned Rank Transform (ART)	0.023	0.001	0.005
ART+INT	0.213	0.003	0.031

Verfahren	group	drugs	Interaktion
Puri & Sen-Tests / Bredenkamp Tests	0.109	0.364	0.016
normal scores (INT)	0.010	0.001	0.026
van der Waerden	0.054	0.004	0.158
Akritas, Arnold & Brunner ATS	0.010	0.002	0.047

Bei beiden Datensätzen zeigt sich, dass die Puri & Sen- sowie die van der Waerden-Tests vielfach die Signifikanzen der anderen Methoden nicht reproduzieren können.

Der Datansatz 3 (`mydata3`) zeichnete sich durch stark inhomogene Varianzen aus. D.h. hier ist davon auszugehen, dass die Signifkanzen des parametrischen Tests nicht gesichert sind und daher die anderen Verfahren vorzuziehen sind. Allerdings sollte man nicht die hier erzielten Ergebnisse verallgemeinern und etwa schließen, dass der Brown-Forsythe-Test oder eine Variablentransformation wie z.B. log(x) den anderen Methoden überlegen sind.

Verfahren	gruppe	dosis	Interaktion
parametrisch	0.211	0.035	0.524
Box-Test für heterogene Varianzen	0.185	0.068	0.462
Brown-Forsythe F-Test für heterogene Var.	0.242	0.046	0.542
Welch-James-Test	0.221	0.055	0.538
log(x)-Transformation	0.303	0.039	0.669
BDM-Test	0.530	0.073	0.798
Rank transform Test	0.508	0.064	0.809
Aligned Rank Transform (ART)	0.217	0.077	0.522
ART+INT	0.625	0.111	0.514
normal scores (INT)	0.366	0.048	0.725
van der Waerden	0.371	0.048	0.759
Puri & Sen- /Bredenkamp Tests	0.498	0.057	0.827
Akritas, Arnold & Brunner ATS	0.513	0.058	0.783

5. Abhängige Stichproben - Messwiederholungen

Es wird im Folgenden davon ausgegangen, dass ein Merkmal x *J*-mal (unter verschiedenen Bedingungen) erhoben wurde, so dass Variablen $x_1,...,x_J$ vorliegen, deren Mittelwerte verglichen werden sollen. Z.B. können von dem Merkmal Herzfrequenz HF mehrere Messungen vorliegen, z.B. der Ruhewert, der Wert direkt nach Beendigung des Joggens sowie Werte 10 und 20 Minuten nach Beendigung, also insgesamt 4 Werte. Die Struktur kann aber auch hier mehrfaktoriell sein, wenn z.B. o.a. HF-Messungen einmal ohne Einnahme eines Medikaments und einmal mit Einnahme vorgenommen worden sind.

Beispieldaten 4 (winer518):

Der folgende Datensatz ist dem Buch von B.J.Winer (1991, S. 518) entnommen. Die Einstellung zu einem Thema wurde von Männer und Frauen dreimal im Abstand von mehreren Monaten auf einer ordinalen Skala von 1 - 9 (negativ - positiv) erfasst:

Geschlecht	Versuchsperson	t1	t2	t3
Männer	1	4	7	2
	2	3	5	1
	3	7	9	6
	4	6	6	2
	5	5	5	1
Frauen	6	8	2	5
	7	4	1	1
	8	6	3	4
	9	9	5	2
	10	7	1	1

In R muss `Geschlecht` vom Typ „factor“ deklariert sein, ebenso die für die Umstrukturierung zu ergänzende Fallkennzeichnung, etwa `Vpn`. In R hat der Dataframe den Namen `winer518`.

Beispieldaten 5 (mydata5):

Im folgenden Datensatz geht es um die Reaktionsfähigkeit in Abhängigkeit von der Einnahme von 2 verschiedenen Medikamenten. 8 Personen, 4 Männer und 4 Frauen, müssen 3 verschiedene Aufgaben (1, 2, 3) lösen, einmal ohne Einnahme eines Präparats (Kontrollmessung K) sowie je einmal nach Einnahme von Medikament A bzw. B (A, B). Das Kriterium ist die Fehlerzahl, mit der eine Aufgabe bearbeitet wurde. Dieses ist zwar eigentlich metrisch, wegen des kleinen Wertebereichs aber eher ordinal zu handhaben.

		Kontrolle K			Medikament A			Medikament B		
		Aufgabe 1			Aufgabe 2			Aufgabe 3		
Geschlecht	Versuchsperson	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Männer	1	3	3	1	4	4	2	5	4	3
	2	2	0	0	3	2	2	4	3	3
	3	5	4	3	5	3	3	6	3	4
	4	3	5	2	4	4	3	4	4	4
Frauen	5	2	2	1	2	2	2	5	2	3
	6	4	1	0	3	2	1	5	2	2
	7	3	2	1	3	2	1	4	3	2
	8	1	3	0	5	2	1	6	3	3

In R muss `Geschlecht` vom Typ „factor“ deklariert sein, ebenso die für die Umstrukturierung zu ergänzende Fallkennzeichnung, etwa `Vpn`. In R hat der Dataframe den Namen `mydata5`, in dem die 9 Messwiederholungsvariablen die Namen `V1,..,V9` haben.

Beispieldaten 6 (winer568):

Der folgende Datensatz ist dem Buch von B.J.Winer (1991, S. 568) entnommen. Hierbei handelt es sich um ein Lernexperiment, bei dem in 4 aufeinanderfolgenden Versuchen (Faktor Zeit) jeweils ein Score von 0 bis 20 erzielt werden konnte. Die 12 Versuchspersonen sind bzgl. 2 Kriterien A bzw. B (Faktoren A und B) in jeweils 2 Gruppen eingeteilt worden.:

A	B	Versuchsperson	V1	V2	V3	V4
A1	B1	1	1	6	5	7
		2	0	6	7	9
		3	3	8	8	9
	B2	4	2	7	12	15
		5	1	6	8	9
		6	3	7	10	11
A2	B1	7	1	2	7	12
		8	1	1	4	10
		9	1	1	4	8
	B2	10	2	2	8	12
		11	3	2	10	15
		12	2	2	7	13

In R hat der Dataframe den Namen `winer568`.

5. 1 Datenstruktur

5. 1. 1 Besonderheiten bei R und SPSS

In der Regel liegen die Daten in Form einer Datenmatrix vor, bei der die Zeilen den Erhebungseinheiten (Fällen) entsprechen, also typischerweise Versuchspersonen, und die Spalten den erhobenen Merkmalen (Variablen). Liegen z.B. von der Variablen Herzfrequenz HF die oben aufgeführten 4 Werte vor, so sind diese normalerweise als 4 Variablen (z.B. `HF_Ruhe, HF_0, HF_10` und `HF_20`), also 4 Spalten, in der Datenmatrix zu finden. Bei den meisten Statistikprogrammen, so auch bei SPSS, werden dann zum Vergleich der Messwiederholungen diese Variablen angegeben.

Nicht so bei R. Hier werden die Messwiederholungen von Variablen nicht als Spalten, sondern als Zeilen in der Datenmatrix wiederholt. Dies erfordert zwei zusätzliche Kennungen:

- eine Kennzeichnung der Erhebungseinheit, üblicherweise Fall- oder Versuchspersonennummer, sowie
- eine Kennung der Messwiederholung, ähnlich einem Gruppierungsfaktor.

Für die statistischen Funktionen ist es ganz wichtig, dass beide Variablen vom Typ „factor“ sind, insbesondere da die Funktionen auch fehlerfrei durchlaufen, wenn diese Deklaration vergessen wurde. Nur: Die Ergebnisse sind dann falsch. Variablen, die nicht mehrfach gemessen wurden, wie z.B. Geschlecht, bleiben dann in den Wiederholungszeilen für die Messwiederholungen konstant.

Zum Wandeln der Datenstruktur, um Versuchspläne mit Messwiederholungen in R analysieren zu können, genügt in der Regel der Aufruf einer entsprechenden Funktion. Seit den Anfängen von R ist im WWW die Funktion `make.rm` zu finden, die bequem einen Dataframe mit einem Messwiederholungsfaktor umstrukturiert. Inzwischen bietet R standardmäßig die Funktion `reshape` , mit der sowohl Messwiederholungen in Fälle (Parameter `direction=long`), mit ein wenig Aufwand auch für mehrfaktorielle Designs, gewandelt werden können, als auch umgekehrt Fälle in Messwiederholungen (Parameter `direction=wide`).

Allerdings ist eine solche Umstrukturierung verschiedentlich auch bei SPSS erforderlich, und zwar zur Berechnung der Ränge. SPSS bietet nur eine Funktion zur Berechnung von Rängen, und zwar für eine Variable über alle Fälle, also spaltenweise. Bei Messwiederholungen ist allerdings auch die zeilenweise Rangberechnung erforderlich. Daher müssen die Messwiederholungen wie oben skizziert in mehrere Zeilen umgewandelt werden. SPSS bietet dazu Verfahren an. Diese sind ausführlich im Anhang 1 beschrieben.

Der erforderliche Umwandlungsprozess soll an zwei Beispielen veranschaulicht werden. Zunächst einmal an dem einfachen Fall eines Mermals HF, das zu 4 Zeitpunkten beobachtet worden ist (siehe oben): zuerst die Ausgangsbasis, darunter die erforderliche Struktur mit den zusätzlichen Variablen `Vpn` (Fallkennzeichnung) und `Zeit` (Kennzeichnung der Messwiederholung):

Sex	Alter	...	HF_R	HF_0	HF_10	HF_20
1	51	...	70	91	82	76
2	64	...	78	102	87	79
...	...	...	...	...	...	...

Vpn	Sex	Alter	...	Zeit	HF
1	1	51	...	1	70
1	1	51	...	2	91
1	1	51	...	3	82
1	1	51	...	4	76
2	2	64	...	1	78
2	2	64	...	2	102
...	...	...	...	...	...

Nachfolgend der etwas kompliziertere Fall von zwei Merkmalen, systolischer und diastolischer Blutdruck (Sys.. bzw. Dia..), die zum einen zu 3 Zeitpunkten (..1, ..2, ..3) und zum anderen ohne und mit einer Medikamentendosierung (..o, ..m) gemessen worden sind. Auch hier sind 3 neue Variablen erforderlich: `Vpn` (Fallkennzeichnung), `Dosis` (Messwiederholung Dosierung) und `Zeit` (Messwiederholung Zeit). Zunächst die Ausgangsstruktur:

Sex	Alter	Sys1o	Dia1o	Sys2o	Dia2o	Sys3o	Dia3o	Sys1m	Dia1m	Sys2m	Dia2m	Sys3m	Dia3m
2	51	100	71	112	76	121	85	102	69	114	72	118	80
1	64	105	82	116	88	125	93	109	85	114	88	120	93
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...

und hier die Daten nach der Umstrukturierung:

Vpn	Sex	Alter	Dosis	Zeit	Sys	Dia
1	2	51	1	1	100	71
1	2	51	1	2	112	76
1	2	51	1	3	121	85
1	2	51	2	1	102	69
1	2	51	2	2	114	72
1	2	51	2	3	118	80
...	...	...	...		...	

5. 1. 2 Umstrukturierungen in R

Nachfolgend wird gezeigt, wie die drei o.a. Datensätze in R die erforderliche Struktur für Messwiederholungen erhalten. Hierzu dient die Funktion `reshape`.

Beispieldaten 4 (winer518):

- Zunächst erhält der Dataframe `winer518` eine Fallkennzeichnung, hier `Vpn` genannt. Dieser Schritt kann natürlich entfallen, wenn der Datensatz bereits eine Fallkennung besitzt.
- `Geschlecht` und `Vpn` müssen als „factor“ deklariert werden.
- Mittels der Funktion `reshape` bekommt der Dataframe die für Messwiederholungen erforderliche Struktur, wobei die abhängige Variable den Namen `score` und der Faktor den Namen `Zeit` erhalten.
- Das Ergebnis wird `winer518t` benannt.
- `Zeit` muss als „factor“ deklariert werden.

```
Vpn      <- 1:10
winer518 <- cbind(Vpn,winer518)
winer518 <- within(winer518,
              {Geschlecht<-factor(Geschlecht); Vpn<-factor(Vpn)})
winer518t<- reshape(winer518, direction="long", timevar="Zeit",
               v.names="score", varying=c("t1","t2","t3"), idvar="Vpn")
winer518t<- within(winer518t, Zeit<-factor(Zeit))
```

Der erzeugte Dataframe `winer518t` hat dann folgende Gestalt:

```
     Vpn Geschlecht Zeit score
1.1    1          1    1     4
2.1    2          1    1     3
3.1    3          1    1     7
4.1    4          1    1     6
5.1    5          1    1     5
6.1    6          2    1     8
7.1    7          2    1     4
8.1    8          2    1     6
9.1    9          2    1     9
10.1  10          2    1     7
....  ..         ..   ..    ..
```

Beispieldaten 5 (mydata5):

Zunächst einmal muss der Dataframe `mydata5` eine Fallkennung (`Vpn`) erhalten. Während `mydata5` zwei Messwiederholungsfaktoren beinhaltet, kann `reshape` nur einen verarbeiten. Die Funktion muss daher zweimal aufgerufen werden:

- Beim ersten `reshape`-Aufruf werden die Stufen des Faktors `Medikament` in Zeilen gewandelt, während die Stufen des Faktors `Aufgaben` als Variablen behandelt werden. Die umzustrukturierenden Variablen `V1,.,V9` können einfach durch die lfd Nummer, hier 3:11 angegeben werden. Die neuen abhängigen Variablen werden `a1,a2,a3` genannt. Der erzeugte Dataframe erhält den Namen `mydata5a`.
- Beim zweiten `reshape`-Aufruf wird dann der Faktor `Aufgaben` umstrukturiert. Allerdings darf dann `Vpn` nicht mehr als ID-Variable spezifiziert werden, da die Vpn-Werte nach dem ersten Aufruf von `reshape` mehrfach vorkommen und daher nicht zur Identifikation herangezogen werden können. Es wird aber eine neue ID-Variable `id` angefügt, die verwendet werden kann. Die neue abhängige Variable wird `Fehler` genannt. Über den Parameter `times=1:3` werden die Werte des Faktors (`Medikament` bzw. `Aufgabe`) festgelegt. Der erzeugte Dataframe erhält den Namen `mydata5b`.
- Abschließend müssen noch die beiden Variablen `Medikament` und `Aufgabe` vom Typ „factor“ deklariert werden. Der erzeugte Dataframe erhält den Namen `mydata5t`.

```
Vpn      <-1:8
mydata5  <- cbind(Vpn,mydata5)
names(mydata5)[2] <- "Geschlecht"
mydata5  <- within(mydata5,
         {Vpn<-factor(Vpn); Geschlecht<-factor(Geschlecht)})
mydata5a <- reshape(mydata5,direction="long",varying=3:11,idvar="Vpn",
          timevar="Medikament",times=1:3,v.names=c("a1","a2","a3"))
mydata5b <- reshape(mydata5a,direction="long",
          varying=c("a1","a2","a3"),idvar="id",
          timevar="Aufgabe",times=1:3,v.names="Fehler")
mydata5t <- within(mydata5b,{Medikament<-factor(Medikament);
          Aufgabe<-factor(Aufgabe)})
```

Nach dem ersten Aufruf von `reshape` hat der Dataframe folgende Struktur:

```
    Vpn Geschlecht Medikament a1 a2 a3
1.1   1          1          1  3  3  1
2.1   2          1          1  2  0  0
3.1   3          1          1  5  4  3
4.1   4          1          1  3  5  2
```

```
5.1   5          2          1  2  2  1
6.1   6          2          1  4  1  0
7.1   7          2          1  3  2  1
8.1   8          2          1  1  3  0
1.2   1          1          2  4  4  2
2.2   2          1          2  3  2  2
...   .          .          ..........
```

und nach dem zweiten Aufruf von `reshape` :

```
     Vpn Geschlecht Medikament Aufgabe Fehler id
1.1    1          1          1       1      3  1
2.1    2          1          1       1      2  2
3.1    3          1          1       1      5  3
4.1    4          1          1       1      3  4
5.1    5          2          1       1      2  5
6.1    6          2          1       1      4  6
7.1    7          2          1       1      3  7
8.1    8          2          1       1      1  8
9.1    1          1          2       1      4  9
10.1   2          1          2       1      3 10
```

Beispieldaten 6 (winer568):

Da `winer568` nur einen Messwiederholungsfaktor beinhaltet, erfolgt die Umstrukturierung ähnlich wie oben gezeigt für `winer518`:

```
Vpn      <-1:12
winer568  <- cbind(Vpn,winer568)
winer568t <- reshape(winer568, direction="long", timevar="Zeit",
           v.names="x", varying=c("V1","V2","V3","V4"), idvar="Vpn")
winer568t <- within(winer568t, {A<-factor(A); B<-factor(B);
           Zeit<-factor(Zeit); Vpn<-factor(Vpn) }
```

Der erzeugte Dataframe `winer568t` hat dann folgende Gestalt:

```
     A B Zeit x Vpn

1.1  1 1    1 1   1
2.1  1 1    1 0   2
3.1  1 1    1 3   3
4.1  1 2    1 2   4
5.1  1 2    1 1   5
6.1  1 2    1 3   6
7.1  2 1    1 1   7
8.1  2 1    1 1   8
9.1  2 1    1 1   9
10.1 2 2    1 2  10
11.1 2 2    1 3  11
12.1 2 2    1 2  12
.... . .    . .  ..
```

5. 2 Voraussetzungen der parametrischen Varianzanalyse

Hier geht es zunächst einmal um Versuchspläne, die ausschließlich abhängige Stichproben beinhalten, also ohne Gruppierungsfaktoren. Für die 1-faktorielle Varianzanalyse lautet das Modell dann für einen Faktor C mit *J* Messwiederholungen/Stufen - nachfolgend wird gelegentlich auch wieder die Anzahl mit *K* bezeichnet:

$$x_{jm} = \mu + \gamma_j + \pi_m + e_{jm} \quad (j=1,...,J \;\; m=1,...,n) \tag{5-1}$$

wobei *n* die Anzahl der Merkmalsträger/Versuchspersonen ist. Gegenüber dem entsprechenden Modell ohne Messwiederholungen (vgl. Kapitel 4.1) gibt es einen personenspezifischen Effekt: π_m. Die Voraussetzungen betreffen wiederum die Normalverteilung der Residuen und die Varianzhomogenität. Schaut man in die Lehrbücher, so wird dort kaum das Thema Normalverteilug behandelt, sondern im Wesentlichen die Varianzhomogenität, da die, im Gegensatz zur Analyse ohne Messwiederholungen, eine sehr viel größere Bedeutung hat.

Doch zunächst zur Normalverteilung der Residuen. Bei Varianzanalysen mit Messwiederholungen gibt es mehrere Residuen, denn jeder Test eines Wiederholungsfaktors hat seine eigene Fehlervarianz (und die ihr zugrunde liegenden Residuen), über die die Effektvarianz beurteilt wird. Diese Streuungen müssen alle aus normalverteilten Grundgesamtheiten kommen. Dazu sind zwei Tests erforderlich:

Zum einen müssen die Residuen e_{im} geprüft werden. Hier genügt es nicht, die Abweichungen vom Zellenmittelwert $\bar{x}_j$ zu betrachten, vielmehr müssen die personenspezifischen Abweichungen ebenfalls berücksichtigt werden. Dazu muss von den Abweichungen $x_{jm} - \bar{x}_j$ noch die π_m subtrahiert werden. (Werden diese nicht subtrahiert, können extreme Werte der π_m zu Abweichungen der Residuen von der Normalverteilung führen.) Auch hier entspricht es weder der Forderung, noch ist es praktikabel, die Voraussetzung für jede Messwiederholung bzw. Zelle separat zu überprüfen. Vielmehr sollte man alle Residuen zu einer Variablen zusammenfassen und analysieren. Auf die Ermittlung der Residuen wird in Kapitel 5.3.1 näher eingegangen. Mehr zur allgemeinen Überprüfung auf Normalverteilung im Kapitel 1.6.

Zum anderen müssen die personenspezifischen Abweichungen π_m (*Personeneffekt*) auf Normalverteilung überprüft werden. Diese errechnen sich als Mittelwerte aller Messwiederholungen einer Versuchsperson, wovon noch der Mittelwert $\bar{\pi}$ abzuziehen ist. Für die Überprüfung kann allerdings der letzte Schritt entfallen, da er für die Verteilungsform nicht relevant ist.

Ergeben beide Tests keine Abweichungen, so können alle Residuen als normalverteilt angenommen werden, da sich diese aus den beiden o.a. Residuen zusammensetzen. Zur Prüfung kann wieder zum einen der Shapiro-Wilks-Test, zum anderen grafische Verfahren herangezogen werden. Durch die bei R erforderliche Umstrukturierung der Daten, ist es dort bequem, eine globale Residuen-Variable zu bestimmen und zu untersuchen. Bei SPSS bedarf es dazu etwas mehr Aufwand. Mehr dazu im Kapitel 5.3.1.

Dazu kommt wieder die Voraussetzung der Varianzhomogenität. (Allerdings nur für den Fall $J > 2$. Denn im Fall $J = 2$ kann zum Vergleich der beiden Variablen einfach deren Differenz verwendet werden.) Diese umfasst allerdings hier mehr als die Gleichheit der Varianzen der *J* zu vergleichenden Variablen: $\sigma_1^2 = ... = \sigma_J^2$. Die Voraussetzung heißt *Spherizität* der aus den *K* Variablen gebildeten Kovarianzmatrix. Formal lautet die Bedingung:

$$\sigma^2_{x_1 - x_2} = \sigma^2_{x_1 - x_3} = \sigma^2_{x_2 - x_3} = \ldots$$

d.h. die Varianzen von allen Differenzen je zweier Variablen sind gleich. Diese Bedingung ist nicht leicht nachzuvollziehen. Es gibt aber noch eine andere „verständlichere“ Bedingung, die *Compound Symmetry*. Bei dieser wird gefordert, dass zum einen alle *J* Varianzen gleich sind, und zum anderen die Korrelationen - eigentlich die Kovarianzen, was aber äquivalent ist - je zweier (verschiedener) Variablen gleich sind. Diese Bedingung impliziert die Spherizität.

Diese Bedingung der Sphärizität wird für jeden der Tests der Messwiederholungsfaktoren gefordert. Liegt also z.B. ein Design mit zwei Messwiederholungsfaktoren C und D vor, so ist ein entsprechender Test für die Effekte von C, D und C*D durchzuführen.

Zur Prüfung der Sphärizität wird allgemein der *Mauchly-Test* verwendet, so auch in R und SPSS. Dieser Test hat allerdings im Vergleich zu einigen anderen Tests Nachteile: Zum einen reagiert er empfindlich auf Abweichungen von der multivariaten (!) Normalverteilung der *J* zu vergleichenden Variablen, und zum anderen gibt es bessere, effizientere Tests (vgl. dazu Moulton, 2010). Es sei noch darauf hingewiesen, dass für diese Tests die Anzahl der Beobachtungen *n* größer als die Anzahl der Messwiederholungen sein muss. Andernfalls kann der Test nicht durchgeführt werden und alle Werte werden mit 0 ausgegeben.

Die Prüfung beider Voraussetzungen in R bzw. SPSS wird in Kapitel 5.3.1 beschrieben.

Auch hier stellt sich die Frage: Was ist zu tun, wenn eine der Voraussetzungen nicht erfüllt ist? Die in Kapitel 4.1 angeführte Robustheit der Verfahren hinsichtlich Abweichungen von der Normalverteilung gilt hier ganz besonders, da keine unterschiedlichen n_i vorliegen. Abweichungen von der Varianzhomogenität, hier von der Sphärizität, sind dagegen gravierender, können aber statistisch aufgefangen werden. Sowohl *Geisser & Greenhouse* als auch *Huynh & Feldt* haben modifizierte F-Tests entwickelt, die auch bei Abweichungen von der Sphärizität angewandt werden können. Hierbei werden (wie häufig in der Statistik, z.B. bei der Welch-Approximation für den klassischen t-Test) die Zähler- und Nenner-Freiheitsgrade des F-Tests entsprechend der Abweichung von Sphärizität verkleinert. Hierfür wird ein Korrekturfaktor ε errechnet. Der F-Wert selbst bleibt davon unberührt. Als Konsequenz daraus reagiert der F-Test konservativer, je stärker die Abweichung ist. Von diesen beiden alternativen Tests ist der von Geisser & Greenhouse der konservativere. In SPSS (GLM Messwiederholungen) werden sowohl der Mauchly-Test als auch beide modifizierten F-Tests automatisch immer ausgegeben. In R gibt es Funktionen, die den Mauchly-Test wie auch die F-Tests von Geisser & Greenhouse sowie von Huynh & Feldt ausgeben, u.a. `ezANOVA` in dem Paket `ez`.

Beasley (2002) hat in einer umfangreichen Studie gezeigt, dass zum einen das Aligned Rank Transform (ART) Verfahren auch bei Daten, die weder normalverteilt sind noch die Sphärizität erfüllen, sowohl der Fehler 1. Art α eingehalten wird, als auch der Fehler 2. Art unter Kontrolle bleibt. Darüber hinaus wird darauf hingewiesen, dass bei einer „einfachen" Rangtransformation Verteilungseigenschaften meist erhalten bleiben, wenn auch in abgeschwächter Form. (Hierauf wird auch von Fan (2006) aufmerksam gemacht.) D.h. dass z.B. bei Anwendung des Rank transform Tests (RT, ART und INT) bei Varianzanalysen mit Messwiederholungen eine Korrektur der Freiheitsgrade nach Huynh-Feldt oder Greenhouse-Geisser angebracht ist, wie dies von Beasley und Zumbo (2009) propagiert wird. Das Ergebnis des Mauchly-Tests auf Sphärizität interessiert in dem Zusammenhang nicht, da dessen Voraussetzungen ohnehin kaum erfüllt sein werden. Das Verhalten der Kovarianzmatrizen, um die es ja bei der Sphärizität geht, ist von Bryan (2009) ausführlich im Zusammenhang mit Rangtransformationen untersucht worden, ist aber zu speziell, um hier wiedergegeben zu werden.

Verschiedentlich wird auch vorgeschlagen, zum Test eines Messwiederholungsfaktors anstatt der klassichen univariaten Tests einen multivariaten Test, z.B. *Hotellings Spur*, zu verwenden. Hierbei werden zunächst für die *K* Messwiederholungen $x_1,...,x_J$ einer Variablen *x* *J*-1 Differenzen $d_1=x_2-x_1$, $d_2=x_3-x_2$,... errechnet. Der Ausgangshypothese entspricht dann, dass alle diese d_j gleich 0 sind. Dies wird über eine multivariate Varianzanalyse geprüft. Der Vorteil: Diese verlangt nicht die Voraussetzung der Varianzhomogenität (Sphärizität). Der Nachteil: Es wird eine multivariate Normalverteilung gefordert, wobei anzumerken ist, dass diese Voraussetzung

sehr essentiell ist. (Dieses Prozedere ist auch ausführlich bei Beasley & Zumbo (2009) beschrieben.) SPSS gibt übrigens bei Analysen mit Messwiederholungen immer zuerst die Ergebnisse der multivariaten Varianzanalyse aus. Auf dieser Methode basiert das in Kapitel 2.12 erwähnte Verfahren von Koch, der diese multivariate Analyse auf Rangdaten überträgt und daraus χ^2-Tests konstruiert.

Dann bleibt die nichtparametrische Varianzanalyse im Wesentlichen für den Fall ordinaler abhängiger Variablen vorbehalten.

Der Vollständigkeit wegen sei noch erwähnt, dass es auch Modelle für Anovas mit Messwiederholungen gibt, die andere Strukturen der Varianz-Kovarianzmatrix als die o.a. Spherizität voraussetzen, so z.B. autoregressive und und unstrukturierte. R bietet dafür auch mit der Funktion `gls` im Paket `nlme` Lösungen. Eine leicht verständliche Übersicht bietet das Institute for Digital Research and Education (vgl. die in der Literaturliste aufgeführten Skripte).

Gute Erläuterungen der Voraussetzungen zu Varianzanalysen bieten der Klassiker B.J.Winer (1991) und R.N.Cardinal (2004). Beide gehen jedoch nicht auf Details zur Überprüfung der Normalverteilung ein.

5. 3 Die 1-faktorielle Varianzanalyse

Angenommen es liegt ein Faktor A mit *J* Messwiederholungen vor. Getestet wird die Hypothese gleicher Gruppenmittelwerte bzw. gleicher Abweichungen vom Gesamtmittelwert:

$$\mu_1 = \mu_2 = \ldots = \mu_J \qquad \text{bzw.} \qquad \gamma_1 = \gamma_2 = \ldots = \gamma_J = 0$$

5. 3. 1 Parametrischer Test und Prüfung der Voraussetzung

An den Beispieldaten 4, allerdings hier ohne Berücksichtigung der Gruppenstruktur, soll zum Vergleich der Einstellung zu den 3 Zeitpunkten die parametrische Varianzanalyse durchgeführt und die Prüfung der Voraussetzungen, Varianzhomogenität und Normalverteilung der Residuen, demonstriert werden.

Zur Berechnung der Residuen gibt es folgende Möglichkeit: Der oder die Messwiederholungsfaktoren C, D,.. werden als Gruppierungsfaktoren gehandhabt. Dazu muss der Datensatz umstrukturiert werden, indem die Messwiederholungen in Fälle gewandelt werden. (Dies ist in R ohnehin für Analysen mit Messwiederholungen erforderlich.) Dann wird folgendes Modell (*ohne* Messwiederholungen) analysiert:

C + Vpn bzw. C*D + Vpn

wobei Vpn die Fallkennung, z.B. Versuchspersonennummer, ist. Die Residuen dieses Modells sind die Residuen des Modells mit Messwiederholungen auf C (und D).

Dies ist zwar prinzipiell auch bei SPSS möglich, verursacht aber wegen der erforderlichen Umstrukturierung etwas Aufwand. SPSS gibt allerdings für jede Messwiederholungsvariable x_i andere Residuen aus: $e'_{jm} = x_{jm} - \gamma_j$. Aus dem Modell 5-1 ergibt sich für diese $e'_{jm} = \pi_m + e_{jm}$, d.h. um die Residuen e_{jm} zu erhalten, müssen von den e'_{jm} die π_m subtrahiert werden. Die erforderlichen Schritte sind dann:

- Speichern der Residuen: e'_{jm} ,
- Ermitteln des Personeneffekts π_m aus $p_m = \left(\sum_j^J x_{jm}\right) / I$ und $\pi_m = (p_m - \bar{p})$,
- und schließlich $e_{jm} = e'_{jm} - \pi_m$.

(Die Subtraktion von $\bar{p}$ von p_m zur Ermittlung von π_m kann entfallen, da sie für die Beurteilung der Residuen e_{jm} ohne Bedeutung ist.)

Für größere n (n>20) können diese e_{jm} für j=1,...,J auf Normalverteilung überprüft werden. Die J Testergebnisse, etwa die p-Werte p_1,...,p_J können z.B. über *Fishers combined probability test* (vgl. Anhang 2.5) zu einem Testergebnis zusammengefasst werden.

Für kleinere n müssten die J Variablen zu einer mit $n*J$ Werten zusammengefasst werden, entweder per copy & paste oder wieder mittels der aufwändigen Umstrukturierung. Dann sollte aber besser der erste oben beschriebene Weg gewählt werden.

mit R:

Ausgangsbasis ist der in 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Die Anova wird mit der Standardfunktion `aov` durchgeführt, wobei durch den Modellterm `Error(Vpn/Zeit)` die Messwiederholungen auf dem Faktor `Zeit` gekennzeichnet werden:

```
aov1     <- aov(score~Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t)
summary (aov1)
```

mit dem Ergebnis:

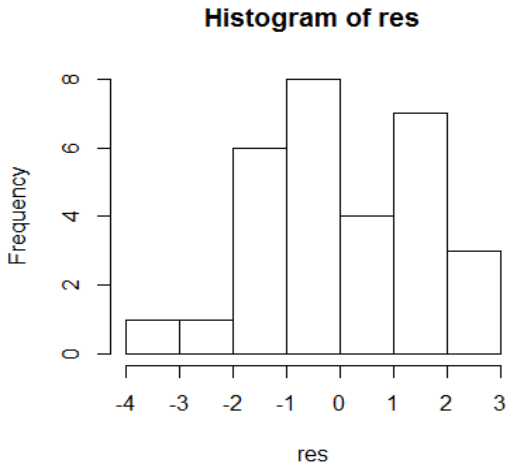
```
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  9  59.87   6.652

Error: Vpn:Zeit
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Zeit       2  58.07  29.033   7.926 0.0034 **
Residuals 18  65.93   3.663
```

Tabelle 5-1

Für die Prüfung der Voraussetzungen bietet das Ergebnisobjekt `aov1` keine Möglichkeiten. Zunächst einmal zu den Residuen e_{jm} . Diese lassen sich, wie oben erläutert, bequem als Residuen eines Anova-Modells ohne Messwiederholungen ermitteln:

```
aov2<-aov(score~Zeit+Vpn, winer518t)
res<-aov2$residuals
hist(res)
shapiro.test(res)
```

mit folgenden Ergebnissen für die Tests auf Normalverteilung:




```
 Shapiro-Wilk normality test

data:  res

W = 0.9695, p-value = 0.5255
```

Das Histogramm zeigt mit einer leichten Linksschiefe eine geringe Abweichung von der Normalverteilung, die allerdings nicht als bösartig angesehen werden muss. Diese resultiert zum Teil auch aus der zu großen Intervallzahl. Dahingegen weist der Shapiro-Test keine Abweichung aus.

Zur Überprüfung der Normalverteilung der versuchspersonenspezifischen Abweichungen π_m müssen diese ebenfalls erst ermittelt werden. Dazu muss man auf den ursprünglichen Dataframe `winer518` zurückgreifen und die Summen oder Mittelwerte der Variablen `t1,t2` und `t3` berechnen. Diese können dann wie üblich überprüft werden. Die Ergebnisse werden hier wegen der zu geringen Fallzahl (n=10) nicht wiedergegeben.

```
pm <- (winer518$t1 + winer518$t2 + winer518$t3)/3
hist(pm)
shapiro.test(pm)
```

Zur Überprüfung der Varianzhomogenität, in diesem Fall also der Sphärizität, findet man die Funktion `mauchly.test`. Ein Versuch, diese auf einen der bislang erzeugten Dataframes oder ein Anova-Ergebnisobjekt anzuwenden, scheitert. Denn diese Funktion erwartet ein mlm- oder ein SSD-Objekt. Beide sind nur mit erheblichem Aufwand und einigen „linear model“-Kenntnissen zu bekommen.

Wesentlich einfacher ist die Benutzung der Funktion `ezANOVA` aus dem Paket `ez`, bei der Mauchlys Test im Fall von Messwiederholungen automatisch ausgegeben wird:

```
library(ez)
ezANOVA (winer518t, score, Vpn, within=Zeit)
```

```
$ANOVA
  Effect DFn DFd        F           p p<.05       ges
2   Zeit   2  18 7.926188 0.003397427     * 0.3158086

$`Mauchly's Test for Sphericity`
  Effect         W         p p<.05
2   Zeit 0.6441534 0.1721699

$`Sphericity Corrections`
  Effect       GGe      p[GG] p[GG]<.05       HFe       p[HF] p[HF]<.05
2   Zeit 0.7375466 0.00859794         * 0.8472485 0.005821856         *
```

Tabelle 5-2

Die ersten Zeilen enthalten die schon oben erzielte Varianzanalyse (vgl. Tabelle 5-1). Anzumerken ist, dass darin „`ges`“ die *generalized effect size* (Effektgröße Eta^2) ist. Darunter das Ergebnis des Tests von Mauchly (p~0.17), das keine Signifikanz und somit Varianzhomogenität zeigt. Die letzten Zeilen bieten für den Fall heterogener Varianzen die beiden alternativen Signifikanzberechnungen für die Varianzanalyse von Geisser & Greenhouse (GG) sowie Huynh & Feldt (HF), jeweils mit dem Zusatz „e“ für den Korrekturfaktor der Freiheitsgrade ε bzw. dem Zusatz „p“ für die Irrtumswahrscheinlichkeit.

mit SPSS:

Varianzanalysen mit Messwiederlungen erhält man in SPSS über das Menü „Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung“.
Die Anweisungen für den Beispieldatensatz 4 mit Speicherung der Residuen lauten:

```
GLM t1 t2 t3
  /wsfactor=Zeit 3 polynomial
  /save=resid
  /wsdesign=Zeit.
```

Die Ausgabe umfasst u.a. die zunächst interessierende Varianzanalyse in folgender Tabelle:

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	58,067	2	29,033	7,926	,003
	Greenhouse-Geisser	58,067	1,475	39,365	7,926	,009
	Huynh-Feldt	58,067	1,694	34,268	7,926	,006
	Untergrenze	58,067	1,000	58,067	7,926	,020
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	65,933	18	3,663		
	Greenhouse-Geisser	65,933	13,276	4,966		
	Huynh-Feldt	65,933	15,250	4,323		
	Untergrenze	65,933	9,000	7,326		

Tabelle 5-3

Die „normale“ Signifikanzüberprüfung für den Faktor `Zeit` ist in der Zeile „Spherizität angenommen“ abzulesen. Die beiden Zeilen „Greenhouse-Geisser“ und „Huynh-Feldt“ bieten alternative Tests für den Fall, dass die Voraussetzung der Spherizität, also der Varianzhomogenität, nicht erfüllt ist. Den Mauchly-Test zur Überprüfung dieser Voraussetzung enthält die folgende Tabelle:

Mauchly-Test auf Sphärizität							
Innersubjekteffekt	Mauchly-W	Approximiertes Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon		
					Greenhouse-Geisser	Huynh-Feldt	Untergrenze
Zeit	,644	3,519	2	,172	,738	,847	,500

aus der hervorgeht (p~0.17), dass die Varianzhomogenität erfüllt ist. Die rechten Spalten „Epsilon“ enthalten den Korrekturfaktor der Freiheitsgrade ε für den entsprechenden Test, der in der o.a. Varianzanalysetabelle zur Berechnung der Signifikanzen verwendet wird.

Die Überprüfung der Residuen auf Normalverteilung bei Messwiederholungen ist in SPSS mit etwas Aufwand verbunden. Zum einen gibt es die am Anfang dieses Kapitels beschriebene Möglichkeit über ein varianzanalytisches Modell ohne Messwiederholungen, was aber eine Umstrukturierung des Datensatzes erfordert. Ein Beispiel dazu folgt in Kapitel 6.2. Zum anderen kann man auf den Residuen e'_{im} aufbauen, die SPSS bei Messwiederholungsmodellen ausgibt. Dies soll hier kurz gezeigt werden.

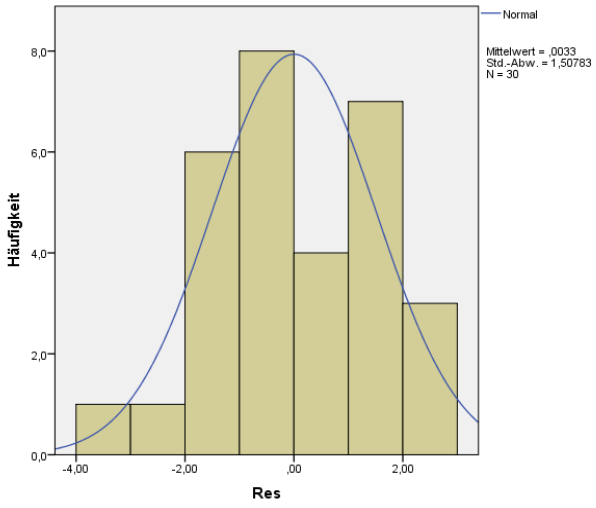
Es wird für jede Messwiederholungsvariable (`t1,t2,t3`) eine Residuenvariable erzeugt: `Res_1, Res_2, Res_3`. Von diesen muss nun zunächst der Personeneffekt π_m abgezogen werden, der allerdings vorher noch berechnet werden muss. Nachfolgend die Kommandos hierfür, wobei im zweiten Schritt der Mittelwert von π errechnet wird - hier einfach über `Descriptive` und Einsetzen des Wertes 4.27, alternativ über `Aggregate`. Allerdings ist, wie oben bemerkt, die Subtraktion des Mittelwert von π nicht erforderlich.

```
Compute Pi=Mean(t1,t2,t3).
Descriptive Variables=Pi.
Compute R1 = Res_1 - (Pi-4.27).
Compute R2 = Res_2 - (Pi-4.27).
Compute R3 = Res_3 - (Pi-4.27).
```

Bei größeren Stichproben könnte jede dieser Variablen separat auf Normalverteilung überprüft werden, nicht aber bei kleineren wie hier n=10. Weder ein Histogramm noch ein Test können hier ein klares Bild geben. Zwei der Möglichkeiten, die Residuenvariablen zu einer einzigen zusammenzufassen, sollen hier kurz skizziert werden.

Zum einen können im Dateneditor über copy & paste sämtliche Residuenvariablen (hier: `R1,R2` und `R3`) zu einer zusammengefügt werden. Dies dürfte, insbesondere bei nicht zu großen Datensätzen, der einfachste Weg sein.

Alternativ wird der Datensatz umstrukturiert, so dass die Messwiederholungen zu Fällen werden, hier also die Variablen `R1,R2` und `R3` zu einer Variablen `Res`, deren Werte sich jeweils auf 3 Fälle verteilen. Die Vorgehensweise ist ausführlich im Anhang 1 beschrieben. Die Variable `Res` kann nun über ein Histogramm oder über den Shapiro-Wilk-Test (erhältlich über das Menü „Deskriptive Statistiken -> Explorative Datenanalyse“ und dort bei „Diagramme“ „Normalverteilungsdiagramm mit Tests“ aktivieren) auf Normalverteilung überprüft werden.



Tests auf Normalverteilung						
	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistik	df	Signifikanz	Statistik	df	Signifikanz
Res	,120	30	,200*	,969	30	,526

Das Histogramm zeigt mit einer leichten Linksschiefe eine geringe Abweichung von der Normalverteilung, die allerdings nicht als bösartig angesehen werden muss. Diese resultiert zum Teil auch aus der zu großen Intervallzahl. Dahingegen weist der Shapiro-Test keine Abweichung aus.

5. 3. 2 Der Friedman-Test

Der Friedman-Test ist das nichtparametrische Pendant zur 1-faktoriellen Varianzanalyse mit Messwiederholungen. (Er wird gelegentlich auch irreführend als 2-faktorielle Varianzanalyse bezeichnet, da rein formal neben dem betrachteten Messwiederholungsfaktor noch der „Faktor“ Vpn in die Rechnung einfließt.) Der Algorithmus sieht so aus, dass zunächst innerhalb jeder Vpn die Werte in Ränge 1,...,*J* (mit *J* Anzahl der Stufen), sog. *Friedman-Ränge*, transformiert werden, danach mit diesen wie gewohnt weitergerechnet wird, aber zum Schluss anstatt eines F-Tests ein χ^2-Test durchgeführt wird (vgl. auch Kapitel 2.5 und 5.3.3). An den Beispieldaten 4, allerdings hier ohne Berücksichtigung der Gruppenstruktur, soll die Berechnung gezeigt werden.

mit R:

Die Funktion `friedman.test` kann auf zwei verschiedene Arten benutzt werden:

- zum einen mittels Eingabe der zu analysierenden Datenmatrix (Dataframe `winer518`), allerdings nicht vom Typ „data.frame“, sondern vom Typ „matrix“ (Umwandlung z.B. über `as.matrix`), wobei die Daten die ursprüngliche Struktur haben müssen.
- zum anderen mittels Angabe eines Modells wie in `aov`, wobei die Daten wie für `aov` umstrukturiert sein müssen (Dataframe `winer518t` aus Kapitel 5.1.2),

Variante 1:

```
friedman.test (as.matrix(winer518[,3:5]))
```

Variante 2:

```
friedman.test (score~Zeit | Vpn, data=winer518t)
```

Die Ausgabe ist bei beiden natürlich identisch:

```
        Friedman rank sum test

Friedman chi-squared = 9.5556, df = 2, p-value = 0.008415
```

mit SPSS:

Hier muss beachtet werden, dass gegebenenfalls vorher das Skalenniveau der analysierten Variablen auf „Skala“ gesetzt wird. Die Syntax für den Friedman-Test:

```
Nptests   /related test(t1 t2 t3) friedman(compare=pairwise).
```

mit der Ausgabe:

Gesamtanzahl	10
Teststatistik	9,556
Freiheitsgrade	2
Asymptotische Sig. (zweiseitiger Test)	,008

Übersicht über Hypothesentest

	Nullhypothese	Test	Sig.	Entscheidung
1	Die Verteilungen von , and sind gleich.	Friedmans Zweifach-Rangvarianzanalyse verbundener Stichproben	,008	Nullhypothese ablehnen.

Asymptotische Signifikanzen werden angezeigt. Das Signifikanzniveau ist ,05.

Das Ergebnis ist zwar signifikant. Dennoch soll hier kurz noch die Iman & Davenport-Korrektur gezeigt werden (vgl. Formel 2-1 in Kapitel 2.1):

$$F = \frac{(10-1)\cdot 9,5556}{10\cdot(3-1)-9,5556} = 8,308$$

Dieser F-Wert hat 2 Zähler-FG und 20 Nenner-FG. Der entsprechende p-Wert: 0.00236, der tatsächlich etwas kleiner ausfällt als der p-Wert des Friedman-Tests.

5. 3. 3 rank transform (RT) und normal scores (INT)

Bei der einfachen *rank transform* (RT)-Analyse wird lediglich vor der Durchführung der parametrischen Varianzanalyse zunächst die abhängige Variable *x* über alle Messwiederholungen hinweg in Ränge R(*x*) transformiert. Beim einfachen *inverse normal transformation* (INT) werden anschließend zusätzlich die Ränge R(x_m) über die inverse Normalverteilung in normal scores umgerechnet:

$$nscore_m = \Phi^{-1}(R(x_m)/(M+1))$$

wobei *M* die Anzahl aller Werte ist, also *n*J* (mit *n* Anzahl der Merkmalsträger und *J* Anzahl der Messwiederholungen), und ϕ^{-1} die Umkehrfunktion der Normalverteilung. Die statistischen Tests bleiben unverändert. Beide Verfahren sind in erster Linie für metrische Variablen gedacht, die die Normalverteilungs-Voraussetzung nicht erfüllen, nicht jedoch für Variablen mit beliebigen Eigenschaften. D.h. hat die untransformierte Variable x ungleiche Varianzen, so kann das auch noch für die transformierten Variablen R(x) und nscore gelten. So ist es sinnvoll, auch R(x) bzw. nscore auf Sphärizität zu überprüfen. Hierfür steht allerdings nur der Mauchly-Test zur Verfügung, der selbst u.a. Normalverteilung voraussetzt, so dass dessen Ergebnisse unter Vorbehalt zu interpretieren sind. Beasley und Zumbo (2009) propagieren daher, bei den F-Tests einfach eine der Korrekturen der Freiheitsgrade von Huynh-Feldt oder Greenhouse-Geisser vorzunehmen, ohne das Ergebnis des Mauchly-Tests zu berücksichtigen.

Das INT-Verfahren soll am Datensatz des Beispiels 4 für den Faktor `Zeit` demonstriert werden.

mit R:

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Zunächst wird die Kriteriumsvariable `score` in Ränge (`rscore`) transformiert, anschließend diese in normal scores umgerechnet, wobei die Anzahl der Fälle `nc` einfließt. Die Varianzanalyse wird mit `ezANOVA` (Paket `ez`) durchgeführt, um neben dem Test von Mauchly auf Varianzhomogenität (Sphärizität) die adjustierten Signifikanztests von Geisser-Greenhouse und Huynh-Feldt zu erhalten:

```
library(ez)
nc        <- dim(winer518t)[1]
winer518t <- within(winer518t, rscore<-rank(score))
winer518t <- within(winer518t, nscore<-qnorm(rscore/(nc+1)))
ezANOVA (winer518t, nscore, Vpn, within=Zeit)
```

Nachfolgend die Ergebnisse für das normal score (INT)-Verfahren. Danach ist die Varianzhomogenität zwar erfüllt (p=0.100). Dennoch liest man zweckmäßigerweise das Ergebnis für den Zeit-Effekt nicht im oberen `ANOVA`-Teil (p=0.0024), sondern im unteren unter `Sphericity Corrections` (`p[HF]`) ab (p=0.0056) ab.

```
$ANOVA
  Effect DFn DFd        F           p p<.05      ges
2   Zeit   2  18 8.570491 0.002427323     * 0.309934

$`Mauchly's Test for Sphericity`
  Effect         W          p p<.05
2   Zeit 0.5617469 0.09957784

$`Sphericity Corrections`
  Effect       GGe       p[GG]        HFe      p[HF]
2   Zeit 0.6952879 0.007838653  0.7823034 0.00559601
```

mit SPSS:

Wie in Kapitel 5.3.3 sind die folgenden Schritte erforderlich, um die Werte über die Messwiederholungen hinweg in Ränge transformieren zu können:

- Zunächst müssen für den Datensatz über das Menü „Daten -> Umstrukturieren“ die Messwiederholungen in Fälle transformiert werden (siehe dazu im Anhang 1.1.1).
- Die Variable `score` wird dann über das Menü „Transformieren -> Rangfolge bilden“ in Ränge umgerechnet. Ergibt Variable `Rscore`.
- Diese Variable `Rscore` wird nun in normal scores umgerechnet. Dazu muss noch vorab über `Aggregate` die Anzahl der Werte `nc` ermittelt werden, da die Ränge durch (n+1) dividiert werden. Die Ergebnisvariable wird `nscore` genannt.
- Danach muss der Datensatz wieder zurück in das „normale“ Format mit Messwiederholungen transformiert werden (vgl. 1.2). Dabei werden aus `nscore` wieder 3 Variablen `nscore.1, nscore.2, nscore.3`.
- Abschließend wird dann eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen (Menü: „Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung“) für `nscore.1,.` . gerechnet.

Nachfolgend die Syntax für diese Schritte:

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(score).
Rank Variables=score / rank into Rscore.
compute nscore=Idf.normal(Rscore/(nc+1),0,1).

Sort cases by Vpn Zeit.
casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Zeit
  /groupby=variable.

GLM nscore.1 nscore.2 nscore.3
  /WSfactor = Zeit 3 Polynomial
  /WSdesign Zeit
```

Nachfolgend zunächst der Test auf Varianzhomogenität, der zwar mit p=0,100 gerade noch akzeptabel ist, aber ohnehin keine Rolle spielen sollte. Denn zweckmäßigerweise sollten die Ergebnisse für die Varianzanalyse (in der zweiten Tabelle) ohnehin einer der Zeilen mit den adjustierten Testergebnissen, z.B. Huynh-Feldt, entnommen werden.

Mauchly-Test auf Sphärizität[a]						
Innersubjekt-effekt	Mauchly-W	Approximiertes Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon[b]	
					Greenhouse-Geisser	Huynh-Feldt
Zeit	,562	4,614	2	,100	,695	,782

Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	6,909	2	3,454	8,570	,002
	Greenhouse-Geisser	6,909	1,391	4,968	8,570	,008
	Huynh-Feldt	6,909	1,565	4,416	8,570	,006
	Untergrenze	6,909	1,000	6,909	8,570	,017
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	7,255	18	,403		
	Greenhouse-Geisser	7,255	12,515	,580		
	Huynh-Feldt	7,255	14,081	,515		
	Untergrenze	7,255	9,000	,806		

Danach ist der Zeit-Effekt mit p=0,006 signfikant.

5. 3. 4 Puri & Sen-Tests

Bei dem klassischen Puri & Sen-Test werden die beobachteten Werte über alle Erhebungseinheiten und Messwiederholungen hinweg in Ränge 1,...,*n*J* transformiert.

Folgende Schritte sind durchzuführen:

- Alle *n*J* Werte werden in Ränge (1,...,*n*J*) transformiert.
- Mit den Rängen wird eine parametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen durchgeführt.
- Auf Basis der Anova-Tabelle wird folgender χ^2-Test aufgestellt (vgl. Formel 2-7):

  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{(SS_{Effekt} + SS_{Fehler})/(df_{Effekt} + df_{Fehler})}$$

  wobei SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (Sum of Squares) des zu testenden Effektes (A), SS_{Fehler} die Streuungsquadratsumme des Fehlers ist sowie *df* die entsprechenden Freiheitsgrade.
- Der χ^2-Wert ist dann in den Tafeln für den χ^2-Test auf Signifikanz zu überprüfen, wobei die Freiheitsgrade die Zählerfreiheitsgrade (df_{Effekt}) des entsprechenden F-Tests sind.
- Schließlich kann noch die Iman & Davenport-Korrektur (Formel 2-1) angewandt werden, falls der χ^2-Test nicht signifikant war.

Die Überprüfung der Spherizität, entfällt da kein F-Test, sondern ein χ^2-Test durchgeführt wird.

Die Schritte sollen am Datensatz des Beispiels 4 demonstriert werden.

mit R:

Basis ist der oben in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Zunächst werden die Werte `score` in Ränge `rscore` transformiert, für dann mittels aov eine Varianzanalyse durchgeführt wird:

```
winer518t <- within(winer518t, rscore<-rank(score))
summary(aov(rscore~Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t))
```

```
Error: Vpn
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  9  755.2   83.91

Error: Vpn:Zeit
          Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
Zeit       2  698.6   349.3   8.369 0.00269 **
Residuals 18  751.2    41.7
```

Hieraus sind abzulesen: SS_{Effekt} = `698.6` sowie SS_{Fehler} = `751.2`. Daraus ergibt sich die Testgröße (L statistic):

$$\chi^2 = \frac{698{,}6}{(698{,}6 + 751{,}2)/(2 + 18)} = 9{,}64$$

die bei 2 FG auf dem 1%-Niveau signifikant ist.

mit SPSS:

Die Anweisungen sind weitgehend identisch mit denen des RT-Verfahrens im vorigen Abschnitt, lediglich sind mit GLM die Variablen `rscore.1,.., rscore.3` anstatt `nscore.1, ...,nscore.3` zu analysieren, mit folgendem Ergebnis:

Tests der Innersubjekteffekte

Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	698,600	2	349,300	8,369	,003
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	751,233	18	41,735		

Hieraus sind abzulesen: SS_{Effekt} = `698.6` sowie SS_{Fehler} = `751.2`. Daraus ergibt sich die Testgröße (L statistic):

$$\chi^2 = \frac{698{,}6}{(698{,}6 + 751{,}2)/(2 + 18)} = 9{,}64$$

die bei 2 FG auf dem 1%-Niveau signifikant ist.

Bei dem KWF-Verfahren werden die Werte in Friedman-Ränge transformiert, d.h. für jede Erhebungseinheit (Versuchsperson) werden die Werte J in Ränge (1,...,J) umgerechnet. Die anschließende Varianzanalyse und Berechnung des χ^2-Wertes sind mit dem oben beschriebenen Verfahren identisch. Der Test ist dann mit dem Friedman-Test identisch. Auch hier erübrigt sich eine Überprüfung der Spherizität.

mit R:

Basis ist der oben in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Zuerst wird mittels der Funktion `ave` die Variable `score` für jeden Wert von `Vpn` in Ränge `rscore` transformiert. Der Dataframe wird um diese Variable ergänzt. Für `rscore` wird dann eine Varianzanalyse durchgeführt:

```
rscore    <- ave(winer518t$score, winer518t$Vpn, FUN=rank)
winer518t <- cbind(winer518t,rscore)
aovr      <- aov(rscore~Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t)
summary(aovr)
```

```
Error: Vpn:Zeit
          Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
Zeit       2    8.6   4.300   8.234 0.00289 **
Residuals 18    9.4   0.522
```

Hieraus (Spalten „Sum Sq“ bzw. „Df“) wird der χ^2-Wert errechnet:

$\chi^2 = 8.6 / ((8.6 + 9.4)/(2+18)) = 8.6/0.9 = 9.555556$

der mit den o.a. Werten (vgl. Kapitel 5.3.2) übereinstimmt. Es sei darauf hingewiesen, dass in Kapitel 5.4.3 eine R-Funktion für diese Methode vorgestellt wird.

mit SPSS:

- Zunächst müssen für den Datensatz über das Menü „Daten -> Umstrukturieren“ die Messwiederholungen in Fälle transformiert werden (siehe dazu im Anhang 1.1.1).
- Die Variable `score` wird dann über das Menü „Transformieren -> Rangfolge bilden“ in Ränge umgerechnet, wobei im Feld „Sortieren nach“ die Variable `Vpn` eingetragen werden muss, damit die Rangbildung pro Vpn vorgenommen wird. Ergibt Variable `Rscore`.
- Danach muss der Datensatz wieder zurück in das „normale“ Format mit Messwiederholungen transformiert werden (vgl. 1.2). Dabei werden aus `Rscore` wieder 3 Variablen `Rscore.1, Rscore.2, Rscore.3.`
- Abschließend wird dann eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen (Menü: „Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung“) für `Rscore.1,...` gerechnet.

Die Syntax für den ersten Schritt der Umstrukturierung, der Rangbildung bzw. den zweiten Schritt der Umstrukturierung in der SPSS-Syntax:

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=patients
  /null=keep.

Rank variables=score (A) by Vpn
  /rank.

Sort cases by Vpn Zeit.
casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Zeit
  /groupby=variable.
```

```
GLM Rscore.1 Rscore.2 Rscore.3
  /WSfactor =Zeit 3 Polynomial
  /WSdesign Zeit.
```

Da hier nur die Quadrasummen interessieren, nicht aber die verschiedenen Testergebnisse in Abhängigkeit von der Sperizität, wir hier nur jeweils die 1. Zeile wiedergegeben:

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	8,600	2	4,300	8,234	,003
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	9,400	18	,522		

Hieraus (Spalten „Quadratsumme“ bzw. „df“) wird der χ^2-Wert errechnet:

$\chi^2 = 8.6 / ((8.6 + 9.4)/(2+18)) = 8.6/0.9 = 9.555556$

der mit den o.a. Werten des o.a. Friedman-Tests übereinstimmt.

5. 3. 5 van der Waerden

Bei dem Verfahren von *van der Waerden* werden anstatt der „klassischen“ F-Tests die χ^2-Tests wie bei den o.a. Puri & Sen-Tests auf Basis der Friedman-Ränge (KWF-Verfahren) gerechnet. Allerdings wird eine andere Transformation in Ränge vorgenommen als beim o.a. INT-Verfahren: Wie beim Friedman-Verfahren werden die Ränge 1,..,*J* fallweise vergeben.

Folgende Schritte sind durchzuführen:

- Für jede Erhebungseinheit (Versuchsperson) werden die Werte in Ränge (1,...,*J*) transformiert.
- Die Ränge werden in normal scores umgerechnet (vgl. Formel 2-2):
  $nscore_m = \Phi^{-1}(R(x_m)/(J+1))$
- Mit diesen wird eine parametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen durchgeführt.
- Auf Basis der Anova-Tabelle wird folgender χ^2-Test aufgestellt (vgl. Formel 2-7):
  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{(SS_{Effekt} + SS_{Fehler})/(df_{Effekt} + df_{Fehler})}$$
  wobei SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (Sum of Squares) des zu testenden Effektes, SS_{Fehler} die Streuungsquadratsumme des Fehlers ist sowie *df* die entsprechenden Freiheitsgrade.
- Der χ^2-Wert ist dann in den Tafeln für den χ^2-Test auf Signifikanz zu überprüfen, wobei die Freiheitsgrade die Zählerfreiheitsgrade (df_{Effekt}) des entsprechenden F-Tests sind.

Die Schritte sollen am Datensatz des Beispiels 4 für den Faktor `Zeit` demonstriert werden. Die Überprüfung der Spherizität kann entfallen, da hier χ^2- anstatt F-Tests durchgeführt werden.

mit R:

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Zuerst wird mittels der Funktion `ave` die Variable `score` für jeden Wert von `Vpn` in Ränge `rscore` transformiert, diese anschließend in normal scores `nscore` umgerechnet. Der Dataframe wird um

diese Variablen ergänzt. Für `nscore` wird dann eine Varianzanalyse durchgeführt:

```
rscore    <- ave(winer518t$score,winer518t$Vpn,FUN=rank)
nscore    <- qnorm(rscore/4)                # Division durch J+1
winer518t <- cbind(winer518t,rscore,nscore)
summary(aov(nscore~Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t))
```

```
Error: Vpn:Zeit
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Zeit       2  3.847  1.9237   8.163  0.003 **
Residuals 18  4.242  0.2357
```

Der χ^2-Wert des van der Waerden-Tests, der 2 FG hat, errechnet sich nun leicht per Hand:

$\chi^2 = 3.847 / ((3.847 + 4.242)/(2+18)) = 3.85 / 0.4045 = 9.52$

Dieser ist auf dem 1%-Niveau signifikant (kritischer Wert: 9.2).

mit SPSS:

Wie im Kapitel 5.3.3 sind die folgenden Schritte erforderlich, um fallweise die Werte in Ränge transformieren zu können:

- Zunächst müssen für den Datensatz über das Menü „Daten -> Umstrukturieren“ die Messwiederholungen in Fälle transformiert werden (siehe dazu im Anhang 1.1.1).
- Die Variable `score` wird dann über das Menü „Transformieren -> Rangfolge bilden“ in Ränge umgerechnet, wobei im Feld „Sortieren nach“ die Variable `Vpn` eingetragen werden muss, damit die Rangbildung pro Vpn vorgenommen wird. Ergibt Variable `Rscore`.
- Diese Variable `Rscore` wird nun in normal scores umgerechnet. Dabei werden die Ränge durch (*J*+1), hier also 4, dividiert. Die Ergebnisvariable wird `nscore` genannt.
- Danach muss der Datensatz wieder zurück in das „normale“ Format mit Messwiederholungen transformiert werden (vgl. 1.2). Dabei werden aus `nscore` wieder 3 Variablen `nscore.1, nscore.2, nscore.3`.
- Abschließend wird dann eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen (Menü: „Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung“) für `nscore.1,..` gerechnet.

Nachfolgend die Syntax für diese Schritte sowie die Anova-Tabelle:

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.

Rank Variables=score by Vpn / rank into Rscore.
compute nscore=Idf.normal(Rscore/4,0,1).

Sort cases by Vpn Zeit.

Casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Zeit
  /groupby=variable.
```

```
GLM nscore.1 nscore.2 nscore.3
  /WSfactor =Zeit 3 Polynomial
  /WSdesign Zeit
```

Da hier nur die Quadrasummen interessieren, nicht aber die verschiedenen Testergebnisse in Abhängigkeit von der Sperizität, wir hier nur jeweils die 1. Zeile wiedergegeben:

Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	3,847	2	1,924	8,163	,003
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	4,242	18	,236		

Hieraus (Spalten „Quadratsumme“ bzw. „df“) wird der χ^2-Wert des van der Waerden-Tests errechnet, der 2 FG hat:

$\chi^2 = 3.847 / ((3.847 + 4.242)/(2+18)) = 3.85 / 0.4045 = 9.52$

Dieser ist auf dem 1%-Niveau signifikant (kritischer Wert: 9.2).

5. 3. 6 ATS-Tests von Akritas, Arnold & Brunner

Den von Akritas, Arnold und Brunner entwickelten ATS-Test gibt es auch für Varianzanalysen mit Messwiederholungen. Während in R dazu das Paket `nparLD` zur Verfügung steht, gibt es in SPSS derzeit keine Möglichkeit zur Anwendung dieses Verfahrens.

mit R:

Die 1-faktorielle Analyse mittels `nparLD` soll am Datensatz des Beispiels 4 gezeigt werden. Ausgangsbasis ist wieder der in 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Die Analyse kann mittels zwei Funktionen erfolgen:

- `nparLD` ist eine universelle Funktion für alle verarbeitbaren Designs.
- `ld.f1` erlaubt fehlende Werte bei den Messwiederholungen, gibt einen Mittelwertplot aus sowie eine Reihe weiterer, hier allerdings nicht interessierender Statistiken aus.

Beide geben sowohl die WTS als auch die interessantere ATS aus. Die Ausgabe unterscheidet sich nicht hinsichtlich dieser Statistiken. Nachfolgend zunächst die Eingabe für beide Varianten, wobei zu beachten ist, dass bei `nparLD` trotz Angabe des Dataframes die Variablennamen nicht automatisch gefunden werden. Daher muss bei beiden Funktionen entweder jeder Variablenname zusammen mit dem Dataframe-Namen in der üblichen Form, z.B. `winer518t$score` angegeben werden oder mit `with(`*`Dataframe,...`*`)` ausgeführt werden:

```
library(nparLD)
with(winer518t, nparLD(score~Zeit,winer518t,Vpn))
with(winer518t, ld.f1(score,Zeit,Vpn,time.name="Zeit"))
```

Bei `ld.f1` muss die Variable zweimal angegeben werden: zum einen zur Identifikation des Faktors, zum anderen in “...“ als Name des Faktors für die Ausgabe. Nachfolgend die Ausgabe von `nparLD`, die die Signifikanz des Friedman-Tests bestätigt:

```
Call:
score ~ Zeit

Wald-Type Statistc (WTS):
     Statistic df      p-value
Zeit  43.42399  2 3.720494e-10

ANOVA-Type Statistc (ATS):
     Statistic       df     p-value
Zeit  8.369437 1.433543 0.001127567
```

5. 3. 7 Quade-Test

Das Verfahren von *Quade* war in Kapitel 2.10.2 skizziert worden. An den Beispieldaten 4, allerdings hier ohne Berücksichtigung der Gruppenstruktur, soll die Berechnung gezeigt werden. R bietet dazu die Funktion `quade.test`.

mit R:

Nachfolgend die Ein- und Ausgabe. Eine Umstrukturierung ist wie bei der Friedman-Analyse nicht erforderlich:

```
quade.test(as.matrix(winer518[,3:5]))
```

```
 Quade test

data:  as.matrix(winer518[, 3:5])
Quade F = 6.2019, num df = 2, denom df = 18, p-value = 0.008935
```

Das Ergebnis bestätigt allerdings nicht, dass der Quade-Test bei kleinerer Anzahl von Messwiederholungen stärker ist als der Friedman-Test (p=0,0084).

5. 3. 8 Skillings-Mack-Test

Das Verfahren von *Skillings & Mack* war in Kapitel 2.10.3 erwähnt worden. An den Beispieldaten 4, allerdings hier ohne Berücksichtigung der Gruppenstruktur, soll die Berechnung gezeigt werden. R bietet dazu die Funktion `SkiMack` im Paket `Skillings.Mack`.

mit R:

Nachfolgend die Ein- und Ausgabe (auszugsweise). Eine Umstrukturierung ist wie bei der Friedman-Analyse nicht erforderlich:

```
library(Skillings.Mack)
SkiMack(as.matrix(winer518[,3:5]))
```

```
Skillings-Mack Statistic =  13.545455 , p-value =  0.139438
Note: the p-value is based on the chi-squared distribution with df=9
```

Dass dieser Test hier schlechter als der Friedman-Test abschneidet, ist höchstwahrscheinlich den Bindungen zuzuschreiben.

5. 3. 9 Hotelling-Lawley-Test (multivariate Analyse)

Bei der Besprechung der Voraussetzungen in Kapitel 5.2 wurde der multivariate Test von Hotelling-Lawley kurz vorgestellt, der allerdings eine multivariate Normalverteilung der Messwiederholungsvariablen voraussetzt, die aber wesentlich mehr beinhaltet als die univariate Normalverteilung aller Variablen. Es gibt zur Überprüfung einige Verfahren, u.a. von K.V. Mardia (vgl. Ito, 1980). In R wird hierfür das Paket MVN bereitgestellt. Ersatzweise muss man sich auf die univariate Überprüfung beschränken und die einzelnen Ergebnisse mit dem Test von Fisher (vgl. Anhang 2.5) zusammenfassen. Dies soll aber hier nicht vorgestellt werden. Das Verfahren zum Test des Messwiederholungseffekts wird anhand des Datensatzes `winer568` vorgestellt.

mit R:

Der Test von Hotelling-Lawley wird u.a. über zwei Standardfunktionen angeboten, `manova` sowie `lm` für allgemeine lineare Modelle. In diesem Fall ist `lm` einfacher anzuwenden. In jedem Fall ist die Berechnung der Differenzen der 4 Messwiederholungsvariablen V1,..,V4 erforderlich: V4-V3, V3-V2 und V2-V1. Dieses kann implizit im Aufruf der Funktion erfolgen, wobei allerdings in jedem Fall diese Variablen zu einer Matrix zusammengefasst werden müssen, z.B. mittels `cbind`. Die Struktur der Datenmatrix muss hier die „normale“, also untransformierte sein. Nachfolgend Eingabe und Ausgabe, wonach der Faktor Zeit einen signifikanten Einfluss hat:

```
with(winer568,anova(lm(cbind(V4-V3,V3-V2,V2-V1)~1),
    test="Hotelling-Lawley"))
```

```
Analysis of Variance Table

            Df Hotelling-Lawley approx F num Df den Df    Pr(>F)
(Intercept)  1           35.051   105.15      3      9 2.522e-07 ***
Residuals   11
```

mit SPSS:

Der multivariate Test wird in SPSS bei Varainazanalysen mit Messwiederholungen immer automatisch als erstes Ergebnis (zusätzlich zur normalen parametrischen Analyse) ausgegeben. Eine Bildung der Differenzen oder ähnliches ist hier nicht erforderlich. Nachfolgend Eingabe und Ausgabe, wonach der Faktor Zeit (Zeile „Hotelling-Spur“) einen signifikanten Einfluss hat:

```
GLM V1 V2 V3 V4
  /WSfactor=Zeit 4 Polynomial
  /WSdesign=Zeit
```

Multivariate Tests						
Effekt		Wert	F	Hypothese df	Fehler df	Sig.
Zeit	Pillai-Spur	,972	105,152	3,000	9,000	,000
	Wilks-Lambda	,028	105,152	3,000	9,000	,000
	Hotelling-Spur	35,051	105,152	3,000	9,000	,000
	Größte charakteristische Wurzel nach Roy	35,051	105,152	3,000	9,000	,000

5. 4 Die 2-faktorielle Varianzanalyse

Mit der 2-faktoriellen Varianzanalyse mit Messwiederholungen ist hier ein Design ohne Gruppierungsfaktoren, ausschließlich mit zwei Messwiederholungsfaktoren gemeint, hier mit C und D bezeichnet, jeweils mit *I* bzw. *J* Stufen. Sie unterscheidet sich allerdings gegenüber den Analysen ohne Messwiederholungen sowie der 1-faktoriellen Analyse mit Messwiederholungen dahingehend, dass sie mehrere Fehlerstreuungen hat, und zwar einen für jeden Effekt: C, D sowie C*D. Auch hier nimmt man für die Durchführung nichtparamtrischer Analysen in der Regel den Umweg über die parametrische Analyse. Anzumerken ist noch, dass der Friedman-Test häufig irreführend als 2-faktorielle Analyse bezeichnet wird.

Während für die Analysen mit R ohenhin die Datenmatrix umstrukturiert werden muss und für die nichtparametrischen Tests kein gesonderter Aufwand entsteht, muss zur Rangberechnung an dieser Stelle auch in SPSS eine solche Umstrukturierung vorgenommen werden.

Noch ein Hinweis zum van der Waerden-Test: Für 2-faktorielle Versuchspläne, also solche mit zwei Messwiederholungsfaktoren, sind bislang keine entsprechenden Verfahren bekannt. Dagegen wird in Kapitel 6 ein Verfahren für split plot designs mit nur einem Messwiederholungsfaktor vorgestellt.

5. 4. 1 Das parametrische Verfahren und Prüfung der Voraussetzungen

Auch hier soll zunächst einmal zum Vergleich die parametrische Varianzanalyse durchgeführt werden, und zwar anhand der Beispieldaten 5 (`mydata5`) für den Vergleich der Reaktionen in Abhängigkeit von zwei Medikamenten bzw. drei Aufgaben, jedoch ohne Berücksichtigung der Gruppeneinteilung in Männer und Frauen.

Im Gegensatz zum Datensatz 4 (`winer518`) aus dem letzten Kapitel zeigt hier Mauchlys Test signifikante Abweichungen von der Sphärizität. Für jeden der drei Tests C, D und C*D (im Beispiel: `Medikament, Aufgabe` und Wechselwirkung) wird die dafür relevante Sphärizität überprüft. Da sowohl für `Medikament` als auch für die Wechselwirkung Mauchlys Test signifikant ist, sollten anstatt des „normalen“ F-Tests die Approximationen von Geisser & Greenhouse oder von Huynh & Feldt verwendet werden. Entscheidet man sich für letztere, so erhält man aus den Tabellen 5-5 (R) bzw. 5-6 (SPSS) für den Medikamenten-Effekt einen p-Wert, der nur geringfügig über dem „normalen“ liegt. Für den Interaktionseffekt bedeutet dies jedoch den Verlust der Signifikanz, da der p-Wert des „normalen“ Tests 0,023 beträgt gegenüber einem p=0,058 für die Huynh & Feldt-Approximation.

mit R:

Ausgangsbasis ist der in 5.1.2 erstellte Dataframe `mydata5t`. Die Varianzanalyse mit doppelten Messwiederholungen wird nun zunächst wieder mit `aov` durchgeführt, wobei jetzt zwei Messwiederholungsfaktoren zu berücksichtigen sind. Beide sind für den Error-Term als eingebettet in `Vpn` zu deklarieren, wobei die Klammern dringend erforderlich sind:

```
aov1 <- summary(aov (Fehler ~ Medikament*Aufgabe
                + Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)), mydata5t))
```

Die Ausgabe (nachfolgende Tabelle 5-4) wirkt auf den ersten Blick etwas unübersichtlich, da jeder Effekt einen eigenen Fehlerterm (Residuals) besitzt. Das Ergebnis: Sowohl zwischen den beiden Medikamenten bzw. der Kontrollmessung als auch zwischen den drei Aufgaben bestehen hinsichtlich der Bearbeitung der Aufgaben (Fehlerzahl) signifikante Unterschiede. Hinzu kommt eine signifikante Wechselwirkung beider Faktoren. Auf Details

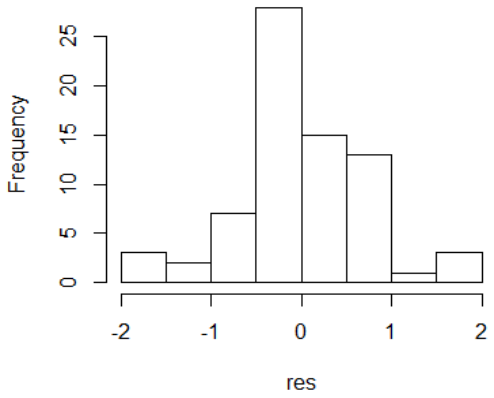
der Interpretation soll hier nicht eingegangen werden.

```
Error: Vpn
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  7  32.65   4.665

Error: Vpn:Medikament
           Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Medikament  2 27.444  13.722   20.83 6.37e-05 ***
Residuals  14  9.222   0.659

Error: Vpn:Aufgabe
          Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Aufgabe    2  40.78  20.389   20.55 6.83e-05 ***
Residuals 14  13.89   0.992

Error: Vpn:Medikament:Aufgabe
                   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Medikament:Aufgabe  4  6.056  1.5139   3.361 0.0229 *
Residuals          28 12.611  0.4504
```

Tabelle 5-4

Die Prüfung der Voraussetzungen erfolgt wie bei der 1-faktoriellen Analyse (vgl. Kapitel 5.3.1). Die Residuen erhält man über folgendes Anova-Modell, das auch auf dem zuletzt erstellten Dataframe `mydata5t` aufsetzt. Diese können dann wie üblich betrachtet werden:

```
aov2 <- aov (Fehler ~ Medikament*Aufgabe + Vpn, mydata5t)
res  <- aov2$residuals
hist(res)
```



Die versuchspersonenspezifische Abweichungen π_m basieren auf dem ursprünglichen Dataframe `mydata5`. Für den Test auf Normalverteilung genügt es, die Personenmittelwerte der 9 abhängigen Variablen zu betrachten, die bequem mittels `rowMeans` errechnet werden können. Auf die Ausgabe wird hier verzichtet:

```
hist(rowMeans(mydata5[,3:11]))
```

Die Varianzhomogenität bzw. Spherizität wird wieder mit der Funktion `ezANOVA` des Pakets `ez` geprüft. Die Spezifikation des Modells ist damit deutlich einfacher:

```
library(ez)
ezANOVA(mydata5t,Fehler,Vpn,within=.(Medikament,Aufgabe))
```

Das Ergebnis, das hinsichtlich der Tests auf Spherizität bereits oben interpretiert wurde:

```
              Effect DFn DFd         F            p p<.05        ges
2         Medikament   2  14 20.831325 6.367208e-05     * 0.28641832
3            Aufgabe   2  14 20.552000 6.833046e-05     * 0.37358443
4 Medikament:Aufgabe   4  28  3.361233 2.286928e-02     * 0.08135846

$`Mauchly's Test for Sphericity`
              Effect          W          p p<.05
2         Medikament 0.35012339 0.04292036     *
3            Aufgabe 0.86860800 0.65534724
4 Medikament:Aufgabe 0.02042957 0.01630533     *

$`Sphericity Corrections`
              Effect       GGe        p[GG]        HFe        p[HF]
p[HF]<.05
2         Medikament 0.6061059 0.0011688272   0.6649945 7.533244e-04
3            Aufgabe 0.8838670 0.0001589182   1.1602880 6.833046e-05
4 Medikament:Aufgabe 0.4258173 0.0752372276   0.5487419 5.794030e-02
```

Tabelle 5-5

mit SPSS:

Die Spezifikation für die Syntax (mit Speicherung der 9 Residuenvariablen) ist relativ einfach:

```
GLM v1 v2 v3 v4 v5 v6 v7 v8 v9
  /wsfactor=Medikament 3 polynomial Aufgabe 3 polynomial
  /save=resid
  /wsdesign=Medikament Aufgabe Medikament*Aufgabe.
```

Mit folgenden relevanten Tabellen: des Mauchly-Tests und der (auf 2 Seiten verteilte) Anova-Tabelle:

Mauchly-Test auf Sphärizität							
Innersubjekteffekt	Mauchly-W	Approximiertes Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon[b]		
					Greenhouse -Geisser	Huynh -Feldt	Unter grenze
Medikament	,350	6,297	2	,043	,606	,665	,500
Aufgabe	,869	,845	2	,655	,884	1,000	,500
Medikament * Aufgabe	,020	21,075	9	,016	,426	,549	,250

Tabelle 5-7

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angenommen	27,444	2	13,722	20,831	,000
	Greenhouse-Geisser	27,444	1,212	22,640	20,831	,001
	Huynh-Feldt	27,444	1,330	20,635	20,831	,001
	Untergrenze	27,444	1,000	27,444	20,831	,003
Fehler (Medikament)	Sphärizität angenommen	9,222	14	,659		
	Greenhouse-Geisser	9,222	8,485	1,087		
	Huynh-Feldt	9,222	9,310	,991		
	Untergrenze	9,222	7,000	1,317		

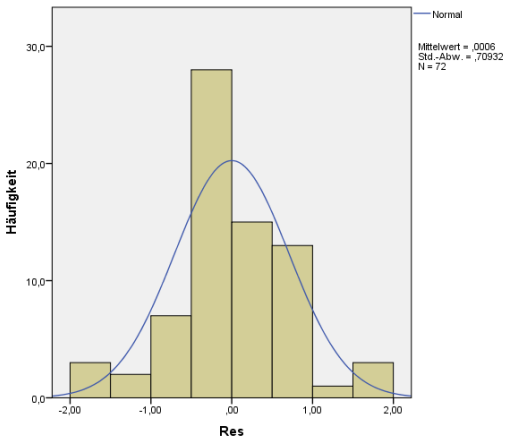
Aufgabe	Sphärizität angenommen	40,778	2	20,389	20,552	,000
	Greenhouse-Geisser	40,778	1,768	23,068	20,552	,000
	Huynh-Feldt	40,778	2,000	20,389	20,552	,000
	Untergrenze	40,778	1,000	40,778	20,552	,003
Fehler (Aufgabe)	Sphärizität angenommen	13,889	14	,992		
	Greenhouse-Geisser	13,889	12,374	1,122		
	Huynh-Feldt	13,889	14,000	,992		
	Untergrenze	13,889	7,000	1,984		
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angenommen	6,056	4	1,514	3,361	,023
	Greenhouse-Geisser	6,056	1,703	3,555	3,361	,075
	Huynh-Feldt	6,056	2,195	2,759	3,361	,058
	Untergrenze	6,056	1,000	6,056	3,361	,109
Fehler (Medikmt*Aufgabe)	Sphärizität angenommen	12,611	28	,450		
	Greenhouse-Geisser	12,611	11,923	1,058		
	Huynh-Feldt	12,611	15,365	,821		
	Untergrenze	12,611	7,000	1,802		

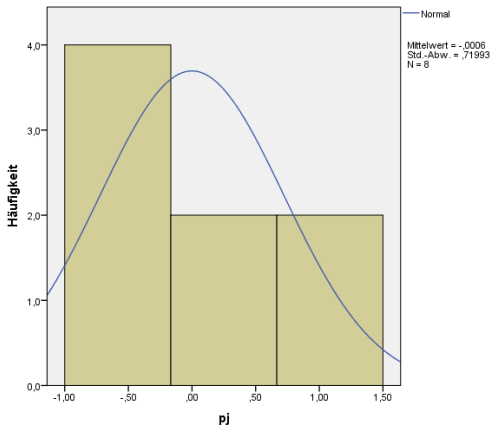
Tabelle 5-6

Das Ergebnis des Mauchly-Tests und dessen Konsequenzen wurden bereits am Anfang dieses Kapitels erörtert. Werden die 9 Residuenvariablen zu einer zusammengefasst, erhält man für die Überprüfung auf Normalverteilung ein Ergebnis, das keine bedeutsamen Abweichungen erkennen lässt:

Tests auf Normalverteilung						
	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistik	df	Signifikanz	Statistik	df	Signifikanz
Residuen	,130	72	,004	,968	72	,063

Besser ist es aber, wie in Kapitel 5.3.1. demonstriert, vorher von den Residuen den Versuchspersoneneffekt abzuziehen. Der Shapiro-Wilk-Test ergibt dann ein p=0,173. Unten links das dazugehörende Histogramm, unten rechts das Histogramm für die π_m, das allerdings bei n=8 kaum Aussagefähigkeit hat und daher i.a. entfallen kann:





5. 4. 2 Rank transform-Tests (RT) und normal scores -Tests (INT)

Bei den einfachen Rank transform Tests wird lediglich vor der Durchführung der parametrischen Varianzanalyse die abhängige Variable über alle Werte (Fälle und Messwiederholungen) hinweg in Ränge transformiert. Die statistischen Tests bleiben unverändert. Dieses Verfahren von Conover & Iman (1981) ist in erster Linie für metrische Variablen gedacht, die die Normalverteilungs-Voraussetzung nicht erfüllen, nicht jedoch für Variablen mit beliebigen Eigenschaften. Insofern sollte die Möglichkeit genutzt werden, für die rangtransformierten Daten anstatt des normalen F-Tests die Variante von Huynh & Feldt anzuwenden, um eventuellen Varianzinhomogenitäten zu begegnen.

Das INT-Verfahren unterscheidet sich von dem RT-Verfahren nur marginal: Die Ränge R(x_m) werden noch in normal scores (INT) umgerechnet:

$$nscore_m = \Phi^{-1}(R(x_m)/(M+1))$$

wobei *M* die Anzahl aller Werte ist, also *n*I*J* (mit *n* Anzahl der Merkmalsträger und *I* und *J* Anzahl der Messwiederholungen der Faktoren C und D), sowie ϕ^{-1} die Umkehrfunktion der Normalverteilung.

Bei den Ergebnissen zeigt sich, dass durch die INT-Transformation - im Gegensatz zur RT-Transformation - die Varianzhomogenität nicht beseitigt werden konnte. Aber auf der anderen Seite sind die Ergebnisse qualitativ dieselben, wenn man bei der normal scores-Analyse die Huynh-Feldt-adjustierten F-Tests wählt.

Da die Ausgabe bei beiden Verfahren dieselbe ist, werden die Ergebnistabellen (etwas verkürzt) lediglich einmal in der (leichter lesbaren) Version von SPSS wiedergegeben.

mit R:

Um die Spherizität prüfen zu können bzw. die adjustierten F-Tests zu erhalten, wird die Varianzanalyse mit `ezANOVA` (Paket `ez`) durchgeführt. Ausgehend vom in Kapitel 5.1.2 erstellten Dataframe `mydata5t` sind folgende Anweisungen erforderlich:

```
library(ez)
RFehler  <- rank(mydata5t$Fehler)
mydata5t <- cbind(mydata5t,RFehler)
ezANOVA(mydata5t,RFehler,Vpn,within=.(Medikament,Aufgabe))
```

Da alle drei Mauchly-Tests nicht signifikant sind, kann die Anova-Tabelle (`$ANOVA`) herangezogen werden, deren Ergebnisse zum Teil (Medikament und Interaktion) sogar besser sind, als bei der „rein parametrischen“ unter Verwendung der Huynh & Feldt-Approximationen (vgl. Tabelle 5-5).

Für die Berechnung der normal scores sowie deren Varianzanalyse sind die o.a. Anweisungen zu ergänzen:

```
nc       <- dim(mydata5t)[1]
mydata5t <- within(mydata5t, nsFehler<-qnorm(RFehler/(nc+1)))
ezANOVA (mydata5t, nsFehler, Vpn, within=.(Medikament,Aufgabe))
```

mit SPSS:

- Zunächst müssen für den Datensatz über das Menü „Daten -> Umstrukturieren“ die Messwiederholungen in Fälle transformiert werden (siehe dazu Anhang 1.1.2).

- Die Variable `Fehler` wird dann über das Menü „Transformieren -> Rangfolge bilden“ in Ränge umgerechnet.
- Danach muss der Datensatz wieder zurück in das „normale“ Format mit Messwiederholungen transformiert werden (vgl. Anhang 1.2).
- Abschließend wird dann eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen (Menü: „Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung“) für die Variablen `RFehler.1.1, RFehler.1.2,..,RFehler.3.3` gerechnet, die bei der Umstrukturierung gebildet werden:

Die Syntax für den ersten Schritt der Umstrukturierung, der Rangbildung bzw. des zweiten Schritts der Umstrukturierung in der SPSS-Syntax:

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /make Fehler from v1 v2 v3 v4 v5 v6 v7 v8 v9
  /index=Medikament(3) Aufgabe(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.

Rank variables=Fehler (A)
  /rank into RFehler.

Sort cases by Vpn Medikament Aufgabe.
Casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Medikament Aufgabe
  /groupby=variable.

GLM RFehler.1.1 RFehler.1.2 RFehler.1.3 RFehler.2.1 RFehler.2.2
    RFehler.2.3 RFehler.3.1 RFehler.3.2 RFehler.3.3
  /WSfactor=Medikament 3 Polynomial Aufgabe 3 Polynomial
  /WSdesign=Medikament Aufgabe Medikament*Aufgabe.
```

Für die Errechnung der normal scores muss die `Rank`-Anweisung durch die folgenden ersetzt werden:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(Fehler).
Rank Variables=Fehler / rank into RFehler.
compute nFehler=Idf.normal(RFehler/nc,0,1).
```

Und in den GLM-Anweisungen ist entsprechend `RFehler...` durch `nFehler` zu ersetzen.

Hier nun die Ergebnisse in der Version von SPSS:
Zunächst für das RT-Verfahren, und zwar der Mauchly-Test:

Mauchly-Test auf Sphärizität							
Innersubjekteffekt	Mauchly W	Approx. Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon		
					Greenhouse -Geisser	Huynh Feldt	Unter grenze
Medikament	,470	4,524	2	,104	,654	,743	,500
Aufgabe	,922	,485	2	,785	,928	1,000	,500
Medikament * Aufgabe	,070	14,377	9	,125	,490	,679	,250

sowie das Ergebnis für die Varianzanalyse auf Basis der Rangtransformation, bei dem wegen der für alle drei Tests gegebenen Spherizität die jeweils erste Zeile genommen werden kann. Die Ergebnisse sind zum Teil (Medikament und Interaktions) sogar besser sind, als bei der „rein parametrischen“ unter Verwendung der Huynh-Feldt-Approximationen (vgl. Tabelle 5-6):

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat summe vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	5419,083	2	2709,542	21,880	,000
	Greenhouse-Geisser	5419,083	1,308	4144,310	21,880	,001
	Huynh-Feldt	5419,083	1,486	3645,959	21,880	,000
	Untergrenze	5419,083	1,000	5419,083	21,880	,002
Fehler (Medikament)	Sphärizität angen.	1733,750	14	123,839		
	Greenhouse-Geisser	1733,750	9,153	189,415		
	Huynh-Feldt	1733,750	10,404	166,638		
	Untergrenze	1733,750	7,000	247,679		
Aufgabe	Sphärizität angen.	8037,750	2	4018,875	18,529	,000
	Greenhouse-Geisser	8037,750	1,856	4330,863	18,529	,000
	Huynh-Feldt	8037,750	2,000	4018,875	18,529	,000
	Untergrenze	8037,750	1,000	8037,750	18,529	,004
Fehler (Aufgabe)	Sphärizität angen.	3036,583	14	216,899		
	Greenhouse-Geisser	3036,583	12,991	233,737		
	Huynh-Feldt	3036,583	14,000	216,899		
	Untergrenze	3036,583	7,000	433,798		
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	1099,667	4	274,917	2,774	,046
	Greenhouse-Geisser	1099,667	1,962	560,571	2,774	,098
	Huynh-Feldt	1099,667	2,718	404,605	2,774	,074
	Untergrenze	1099,667	1,000	1099,667	2,774	,140
Fehler (Medikament*Aufgabe)	Sphärizität angen.	2774,500	28	99,089		
	Greenhouse-Geisser	2774,500	13,732	202,049		
	Huynh-Feldt	2774,500	19,025	145,833		
	Untergrenze	2774,500	7,000	396,357		

Tabelle 5-9

Nun das Ergebnis für das normal score (INT)-Verfahren, zunächst der Mauchly-Test:

Mauchly-Test auf Sphärizität[a]						
Innersubjekteffekt	Mauchly-W	Approx.. Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon[b]	
					Greenhouse-Geisser	Huynh-Feldt
Medikament	,350	6,297	2	,043	,606	,665
Aufgabe	,869	,845	2	,655	,884	1,000
Medikament * Aufgabe	,020	21,075	9	,016	,426	,549

der zeigt, dass lediglich für den Effekt `Aufgabe` durch die Transformation die Varianzheterogenität beseitigt werden konnte. Abgesehen davon empfehlen Beasley & Zumbo (2009) ohnehin, in jedem Fall die adjustierten F-Tests, z.B. den von Huynh-Feldt, zu verwenden. Nachfolgend die (um die Fehlerterme) verkürzte Anova-Tabelle:

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrats. vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	27,444	2	13,722	20,831	,000
	Greenhouse-Geisser	27,444	1,212	22,640	20,831	,001
	Huynh-Feldt	27,444	1,330	20,635	20,831	,001
	Untergrenze	27,444	1,000	27,444	20,831	,003
Aufgabe	Sphärizität angen.	40,778	2	20,389	20,552	,000
	Greenhouse-Geisser	40,778	1,768	23,068	20,552	,000
	Huynh-Feldt	40,778	2,000	20,389	20,552	,000
	Untergrenze	40,778	1,000	40,778	20,552	,003
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	6,056	4	1,514	3,361	,023
	Greenhouse-Geisser	6,056	1,703	3,555	3,361	,075
	Huynh-Feldt	6,056	2,195	2,759	3,361	,058
	Untergrenze	6,056	1,000	6,056	3,361	,109

5. 4. 3 Puri & Sen-Tests

Dieses Verfahren wird hier nur in der klassischen Variante durchgeführt, bei der die Werte über alle Merkmalsträger und alle Messwiederholungen hinweg wie beim o.a. RT-Verfahren in Ränge 1,...,*n*I*J* (*I*J*=Anzahl der gesamten Messwiederholungen) transformiert werden.

Zunächst sind alle Werte in Ränge 1,...,*n*I*J* zu transformieren und damit eine parametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen durchzuführen. Für jeden der 3 Effekttests sind folgende Schritte durchzuführen, wobei zu beachten ist, dass, wie eingangs erwähnt, die Fehler/ Residuenstreuung für jeden Effekt eine andere ist:

- Auf Basis der Anova-Tabelle werden folgende χ^2-Tests aufgestellt (vgl. Formel 2-7):

  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{(SS_{Effekt} + SS_{Fehler}) / (df_{Effekt} + df_{Fehler})}$$

  wobei SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (Sum of Squares) des zu testenden Effektes (C, D oder C*D) ist, SS_{Fehler} die Streuungsquadratsumme des zum Effekt gehörenden Fehlers ist sowie *df* die entsprechenden Freiheitsgrade.

- Die χ^2-Werte sind dann in den Tafeln für den χ^2-Test auf Signifikanz zu überprüfen, wobei die Freiheitsgrade die Zählerfreiheitsgrade (df_{Effekt}) des entsprechenden F-Tests sind.

- Die χ^2-Werte sollten alternativ gemäß Iman & Davenport (vgl. Formel 2-1b) in F-Werte umgerechnet werden, in diesem Fall entspricht dies:

  $$F = \frac{(n-1)\chi^2}{df1 + df2 - \chi^2}$$

  wobei *df1* die Zähler- und *df2* die Nennerfreiheitsgrade des entsprechenden F-Tests sind.

Die Schritte sollen am Datensatz des Beispiels 5 demonstriert werden.

mit R:

Zunächst wird die elementare Berechnung, anschließend eine R-Funktion hierfür vorgestellt. Diese Berechnung wird wieder mit der Funktion `ezANOVA` (Paket `ez`) durchgeführt. Dieses Mal aus folgendem Grund: Bei Analysen mit Messwiederholugen ist das Ergebnis-

objekt von `aov` vom Typ „aovlist“ (anstatt vom Typ „aov“). Diese sind aber äußerst kompliziert aufgebaut, so dass eine Weiterverarbeitung von Ergebnissen wie die „Sum of Sq“ und „Df“ einen erheblichen Programmieraufwand erfordert, wohingegen die Anova-Tabelle von `ezANOVA` ein simpler Dataframe ist.

Ausgehend vom in 5.1.2 erstellten Dataframe `mydata5t` werden zunächst mittels der Funktionen `ave` und `rank` pro Vpn die Fehlerwerte in Ränge umgerechnet und an den Dataframe angehängt. Beim Aufruf von `ezANOVA` werden mittels des Parameters `detailed` die „Sum of Sq“ sowie die „Df“ ausgegeben, die für die weiteren Berechnungen benötigt werden. Vom Ergebnis interessiert nur die Komponente `ANOVA` mit der entsprechenden Tabelle, wobei die letzten Spalten, u.a. mit den p-Werten, hier nicht wiedergegeben werden:

```
mydata5t <- within(mydata5t, RFehler<- rank(Fehler))
aov2r    <- ezANOVA(mydata5t,RFehler,Vpn,within=.(Medikament,Aufgabe),
            detailed=T)
aov2ra   <- aov2r$ANOVA
aov2ra
```

```
              Effect DFn DFd       SSn      SSd         F
1        (Intercept)   1   7 95922.000 7589.667 88.469498
2         Medikament   2  14  5419.083 1733.750 21.879500
3            Aufgabe   2  14  8037.750 3036.583 18.528802
4 Medikament:Aufgabe   4  28  1099.667 2774.500  2.774434
```

Tabelle 5-10

Die Spalten `SSn` und `SSd` (4. und 5. Spalte) enthalten die SS_{Effekt} bzw. den dazugehörigen Fehlerterm SS_{Fehler}, die Spalten `DFn` und `DFd` (2. und 3. Spalte) die entsprechenden Freiheitsgrade. Mit folgenden Anweisungen lassen sich die χ^2-Werte berechnen und auf Signifikanz überprüfen:

```
denom   <- (aov2ra[,4]+aov2ra[,5])/(aov2ra[,2]+aov2ra[,3])
chisq   <- aov2ra[,4]/denom
df      <- aov2ra[,2]
pvalue  <- 1-pchisq(chisq,df)
data.frame(Effekt=aov2ra[,1],Chisq=chisq,Df=df,
           Pvalue=round(pfvalue,digits=7))
```

```
              Effekt    Chisq DF      Pvalue
1        (Intercept)  7.413425  1 0.0064739
2         Medikament 12.121817  2 0.0023323
3            Aufgabe 11.612798  2 0.0030082
4 Medikament:Aufgabe  9.083072  4 0.0590563
```

Alternativ kann auch die Funktion `np.anova` (vgl. Anhang 3.6) angewandt werden. Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Basis ist auch hierfür der umstrukturierte Datensatz (`mydata5t`). Eingabe und Ausgabe:

```
np.anova(Fehler~Medikament*Aufgabe+Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),
         mydata5t)
```

```
generalized Kruskal-Wallis/Friedman (Puri & Sen) tests including
Iman & Davenport F-tests
                   Df  Sum Sq   Chisq  Pr(>Chi) F value    Pr(>F)
Medikament          2 111.062 12.7536 0.0017006 27.4996 1.416e-05 ***
Residuals          14  28.271
Aufgabe             2 150.583 11.1889 0.0037185 16.2793 0.0002223 ***
Residuals          14  64.750
Medikament:Aufgabe  4  26.417 11.5273 0.0212356  3.9414 0.0116312 *
Residuals          28  46.917
```

mit SPSS:

Die Puri & Sen-Tests bauen auf der RT-Analyse (siehe vorigen Abschnitt, Tabelle 5-9) auf. Da hier χ^2-Tests anstatt F-Tests verwendet werden, spielt die Spherizität keine Rolle, so dass in der o.a. Tabelle nur die Zeilen „Sphärizität angen." relevant sind.

Die χ^2-Werte müssen nun „mit der Hand" aus den Werten der o.a. Tabelle (Spalten „Quadratsumme" und „df") berechnet werden:

$$\chi^2_{Medikament} = \frac{5419,1}{(5419,1 + 1733,8)/(2+14)} = 12,12 \qquad df_{Medikament} = 2$$

$$\chi^2_{Aufgabe} = \frac{8057,8}{(8057,8 + 3036,6)/(2+14)} = 11,61 \qquad df_{Aufgabe} = 2$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{1099,7}{(1099,7 + 2774,5)/(4+28)} = 9,08 \qquad df_{Interaktion} = 4$$

Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 6,0 bzw. 9,2 (df=2) und bei 9,5 bzw. 13,3 (df=4). Somit sind alle Effekte signifikant.

5. 4. 4 Aligned rank transform (ART und ART+INT)

Das Prinzip des Aligned rank transform-Tests wurde oben bereits erläutert (vgl. Kapitel 4.3.6).

Die Schritte noch einmal im Einzelnen:

- Durchführung einer (normalen) Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten.
- Speichern der Residuen (e_m),
- Eliminieren des zu untersuchenden Effekts aus den Residuen:

  Interaktionseffekt: $e_m + (\overline{ab}_{ij} - \bar{a}_i - \bar{b}_j + 2\bar{x})$

  Haupteffekte: $e_m + (\bar{a}_i + \bar{b}_j - \bar{x})$
- Umrechnung der bereinigten Residuen in Ränge.
- Durchführung einer normalen Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten mit den Rängen, aus der dann der untersuchte Effekt abgelesen werden kann.

Es sei noch einmal darauf aufmerksam gemacht, dass die ART-Tests für die beiden Haupteffekte statistisch nicht erforderlich sind und sogar falsch signifikante Ergebnisse bringen können.

Dieses Verfahren stellt in erster Linie eine Verbesserung des o.a. Rank transform Tests da, um die Haupt- und Interaktionseffekte sauber zu trennen (vgl. Kapitel 4.3.6). Es ist also in erster

Linie für metrische Variablen gedacht, die die Normalverteilungs-Voraussetzung nicht erfüllen, nicht jedoch für Variablen mit beliebigen Eigenschaften. Insofern sollte die Möglichkeit genutzt werden, die rangtransformierten Daten mittels des Mauchly-Tests auf Varianzhomogenität bzw. Sphärizität zu überprüfen, um dann gegebenenfalls anstatt des normalen F-Tests die Variante von Huynh & Feldt anzuwenden. Oder alternativ ohne Beachtung des Mauchly-Tests die adjustierten F-Tests z.B. von Huynh & Feldt verwenden. Nach Beasley (2002) spielt bei dieser ART-Methode die Sphärizität keine Rolle, so dass ein Blick auf den Mauchly-Test entfallen kann und in der Anova-Tabelle ausschließlich der „normale“ F-Test von Bedeutung ist.

Es wird empfohlen (siehe Mansouri & Chang, 1995 sowie Carletti & Claustriaux, 2005) anschließend die Ränge in normal scores (vgl. Kapitel 2.3) umzurechnen (ART+INT-Verfahren), um einerseits etwaige falsche Signifikanzen abzuschwächen und andererseits eine größere Power zu erhalten.

Es soll nun im Folgenden für den Beispieldatensatz 5 überprüft werden, ob die oben ausgewiesene Signifikanz der Interaktion garaniert ist.

mit R:

Zunächst wird die elementare Berechnung, anschließend eine R-Funktion hierfür vorgestellt. Ausgehend vom in Kapitel 5.1.2 erstellten Dataframe `mydata5t` werden zunächst

- die Residuen der Varianzanalyse mit den Faktoren `Medikament` und `Aufgabe` ermittelt (vgl. dazu 5.3.1),
- die Effekte `ma` des Faktors `Medikamente` bzw. `mb` des Faktors `Aufgaben` berechnet,
- die Zellenmittelwerte `mab` sowie den Gesamtmittelwert `mm` ,
- in der Variablen `rabr` die Residuen um die Haupteffekte bereinigt und in Ränge transformiert,
- in der Variablen `rar` die Residuen um den Interaktionseffekt bereinigt und in Ränge transformiert.
- Ansschließend werden Varianzanalysen für `rabr` zum Test des Interaktionseffekts durchgeführt:

```
aov3r <- aov(Fehler~Medikament*Aufgabe + Vpn, mydata5t)
mydata5s <- cbind(mydata5t, resid=aov3r$residuals)
mydata5s <- within(mydata5s,
            { ma <- ave(Fehler,Medikament,FUN=mean);
              mb <- ave(Fehler,Aufgabe,FUN=mean);
              mab<- ave(Fehler,Medikament,Aufgabe, FUN=mean);
              mm <- mean(Fehler)})
mydata5s <- within(mydata5s,
            { rabr<- rank(round(resid-mab+ma+mb-mm,digits=7));
              rar <- rank(round(resid-ma-mb+2*mm,digits=7))})
aov3rab <- aov(rabr~Medikament*Aufgabe+Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),
            mydata5s)
summary(aov3rab)
aov3ra  <- aov(rar~Medikament*Aufgabe+Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),
            mydata5s)
summary(aov3ra)
```

Nachfolgend zunächst die Ergebnisse der Anova zum Test des Interaktionseffekts, dessen Signifikanz (p=0.017) danach bestätigt ist:

```
Error: Vpn
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  7  518.6   74.08

Error: Vpn:Medikament
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Medikament  2     10     5.0   0.011  0.989
Residuals  14   6215   443.9

Error: Vpn:Aufgabe
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Aufgabe    2     32    16.0   0.019  0.981
Residuals 14  11491   820.8

Error: Vpn:Medikament:Aufgabe
                  Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Medikament:Aufgabe  4   4363  1090.8   3.617 0.0169 *
Residuals          28   8443   301.5
```

Tabelle 5-12

sowie der Ergebnisse für `rar` zum Test der Haupteffekte, die beide signifikant sind:

```
Error: Vpn
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  7     52   7.429

Error: Vpn:Medikament
           Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Medikament  2   8042    4021   25.11 2.34e-05 ***
Residuals  14   2242     160

Error: Vpn:Aufgabe
          Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Aufgabe    2  12830    6415   23.58 3.29e-05 ***
Residuals 14   3808     272

Error: Vpn:Medikament:Aufgabe
                  Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Medikament:Aufgabe  4    185   46.32    0.33  0.855
Residuals          28   3931  140.40
```

Tabelle 5-13

Schließlich noch die Alternative mit der R-Funktion `art2.anova` (vgl. Anhang 3.8). Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Basis ist auch hierfür der umstrukturierte Datensatz `mydata5t`. Eingabe und Ausgabe:

```
art2.anova(Fehler~Medikament*Aufgabe+Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),
        mydata5t)
```

```
                   Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Medikament          2   27.4   13.72 20.8313 6.367e-05 ***
Residuals          14    9.2    0.66
Aufgabe             2   40.8   20.39 20.5520 6.833e-05 ***
Residuals          14   13.9    0.99
Medikament:Aufgabe  4 4363.0 1090.76  3.6173   0.01692 *
Residuals          28 8443.0  301.54
```

Zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens müssen die nach dem ART-Verfahren errechneten Ränge in normal scores (vgl. Kapitel 2.3) transformiert werden. Zunächst mittels der zuerst angeführten elementaren Berechnung. Dazu ist *vor* Durchführung der Varianzanalyse noch die Ermittlung des N (`nc`) sowie die Transformation mittels der inversen Normalverteilung erforderlich, hier allerdings nur für die Prüfung der Interaktion vorgestellt:

```
nc<-dim(mydata5s)[1]
nsabr   <- qnorm(mydata5s$rabr/(nc+1))
aov3rab <- aov(nsabr~Medikament*Aufgabe+Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),
            mydata5s)
summary(aov3rab)
```

```
....
Error: Vpn:Medikament:Aufgabe
                   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Medikament:Aufgabe  4  9.038  2.2594   3.231 0.0267 *
Residuals          28 19.579  0.6992
```

Das Testergebnis für den Interaktionseffekt ist in der o.a. Tabelle, die genauso aufgebaut ist wie Tabelle 5-13, unter `Vpn:Medikament:Aufgabe` abzulesen.

Einfacher ist dies mittels der o.a. Funktion `art2.anova` über den zusätzlichen Parameter `INT` möglich, wobei auf die Ausgabe hier verzichtet wird:

```
art2.anova(Fehler~Medikament*Aufgabe+Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),
         mydata5t, INT=T)
```

mit SPSS:

Wie beim Rank Transform-Test (vgl. Kapitel 5.4.2) muss zunächst der Datensatz umstrukturiert werden, wobei die Messwiederholungen in Fälle gewandelt werden.

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /make Fehler from v1 v2 v3 v4 v5 v6 v7 v8 v9
  /index=Medikament(3) Aufgabe(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.
```

Mit diesem Datensatz wird zur Ermittlung der Residuen des Modells mit den Faktoren Medikament und Aufgaben eine Varianzanalyse (ohne Messwiederholungen, dafür mit dem Faktor `Vpn` der Versuchspersonenkennung) gerechnet (im Menü „Modell“ „Anpassen“ wählen, die Interaktion von `Medikament` und `Aufgaben` für die rechte Seite auswählen sowie den Haupteffekt `Vpn`):

```
Unianova Fehler by Medikament Aufgabe Vpn
  /save=resid
  /design=Aufgabe*Medikament Vpn.
```

Über `Aggregate` werden nun die Mittelwerte für Medikament (ai), Aufgaben (bj), Zellen (mij) und gesamt (mm) berechnet, um die Effekte von den Residuen abzuziehen und das Ergebnis in Ränge umzurechnen:

- `rab` bzw. die Ränge `rabr` zum Test der Interaktion
- `ra` bzw. `rar` zum Test der Haupteffekte

```
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Medikament Aufgabe    /mij=mean(Fehler).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Medikament    /ai=mean(Fehler).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Aufgabe    /bj=mean(Fehler).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=           /mm=mean(Fehler).
Compute rab = res_1 + (mij - ai - bj + 2*mm).
Compute ra  = res_1 + (ai + bj - mm).
Rank variables=ra rab (A)
  /rank into rar rabr.
execute.
```

Anschließend wird der Datensatz wieder in die ursprüngliche Form transformiert:

```
Sort cases by Vpn Medikament Aufgabe.
Casestovars     /Id=Vpn
  /index=Medikament Aufgabe
  /groupby=variable.
```

Schließlich wird dann für `rabr` , die im umstrukturierten Datensatz die Namen `rabr.1.1, rabr.1.2, .`.hat, bzw. `rar,` eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen mit den Faktoren Medikament und Aufgaben gerechnet:

```
GLM rabr.1.1 rabr.1.2 rabr.1.3 rabr.2.1 rabr.2.2 rabr.2.3
    rabr.3.1 rabr.3.2 rabr.3.3
  /wsfactor=Medikament 3 Polynomial Aufgabe 3 Polynomial
  /wsdesign=Medikament Aufgabe Medikament*Aufgabe.
```

Nachfolgend die Ergebnisse für den Test der Interaktion (ohne Wiedergabe der Fehlerterme). Nach Beasley (2002) spielt bei dieser ART-Methode die Sphärizität keine Rolle, so dass ein Blick auf den Mauchly-Test entfallen kann und in der Anova-Tabelle ausschließlich die Zeile „Sphärizität angenommen“ von Bedeutung ist:

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	9,146	2	4,573	,010	,990
Aufgabe	Sphärizität angen.	30,896	2	15,448	,019	,981
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	4313,458	4	1078,365	3,573	,018

Tabelle 5-14

bzw. die Anova-Tabelle für den Test der Haupteffekte:

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat-summe vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	8042,312	2	4021,156	25,113	,000
Fehler(Medikament)	Sphärizität angen.	2241,687	14	160,121		
Aufgabe	Sphärizität angen.	12830,333	2	6415,167	23,584	,000
Fehler(Aufgabe)	Sphärizität angen.	3808,167	14	272,012		
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	185,292	4	46,323	,330	,855
Fehler (Medikament*Aufgabe)	Sphärizität angen.	3931,208	28	140,400		

Tabelle 5-15

Für die Umrechnung in normal scores, d.h. Anwendung des ART+INT-Verfahrens, müssen noch *vor* der Rücktransformation der Datenmatrix die folgenden Anweisungen zur Berechnung der Fallzahl (`nc`) und der INT-Transformation eingefügt werden:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(Fehler).
compute nsar =Idf.normal(rar /(nc+1),0,1).
compute nsabr=Idf.normal(rabr/(nc+1),0,1).
execute.
```

Nachdem die Datenmatrix wieder die normale Struktur hat, erfolgt die Varianzanalyse (hier nur für die Interaktion) über:

```
GLM nsabr.1.1 nsabr.1.2 nsabr.1.3 nsabr.2.1 nsabr.2.2 nsabr.2.3
    nsabr.3.1 nsabr.3.2 nsabr.3.3
  /wsfactor=Medikament 3 Polynomial Aufgabe 3 Polynomial
  /wsdesign=Medikament Aufgabe Medikament*Aufgabe.
```

Bei der Ausgabe interessieren auch hier wieder nur die Zeilen „Spherizität angenommen“:

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat-summe vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	,039	2	,019	,019	,981
Fehler(Medikament)	Sphärizität angen.	14,413	14	1,030		
Aufgabe	Sphärizität angen.	,002	2	,001	,001	,999
Fehler(Aufgabe)	Sphärizität angen.	22,520	14	1,609		
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	9,421	4	2,355	3,596	,017
Fehler (Medikament*Aufgabe)	Sphärizität angen.	18,341	28	,655		

5. 4. 5 ATS-Tests von Akritas, Arnold & Brunner

Den von Akritas, Arnold und Brunner entwickelten ATS-Test gibt es auch für mehrfaktorielle Varianzanalysen mit Messwiederholungen. Während in R dazu das Paket `nparLD` zur Verfügung steht, gibt es in SPSS derzeit keine Möglichkeit zur Anwendung dieses Verfahrens.

mit R:

Die 2-faktorielle Analyse mittels `nparLD` soll am Datensatz des Beispiels 5 gezeigt werden. Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `mydata5t`. Die Analyse kann mittels zwei Funktionen erfolgen:

- `nparLD` ist eine universelle Funktion für alle verarbeitbaren Designs.
- `ld.f2` erlaubt fehlende Werte bei den Messwiederholungen, gibt einen Mittelwertplot aus sowie eine Reihe weiterer, hier allerdings nicht interessierende Statistiken aus.

Beide geben sowohl die WTS als auch die ATS aus. Die Ausgabe unterscheidet sich nicht hinsichtlich dieser Statistiken. Nachfolgend zunächst die Eingabe für beide Varianten, wobei zu beachten ist, dass bei der Funktion `nparLD` trotz Angabe des Dataframes die Variablennamen nicht automatisch gefunden werden. Daher muss entweder jeder Variablenname zusammen mit dem Dataframe-Namen in der üblichen Form, z.B. `mydata5t$Fehler` angegeben werden oder mit `with (Dataframe,...)` ausgeführt werden.

```
attach(mydata5t)
with(mydata5t, nparLD(Fehler~Medikament*Aufgabe,mydata5t,mydata5t$Vpn))
with(mydata5t, ld.f2(score,Medikament,Aufgabe,Vpn,
    time1.name="Medikament",time2.name="Aufgabe")) -> ano
round(ano$ANOVA.test,4)
```

Bei `ld.f2` müssen die Faktoren zweimal angegeben werden: zum einen zur Identifikation des Faktors, zum anderen in "..." als Name des Faktors für die Ausgabe.

Nachfolgend die Ausgabe von `nparLD`:

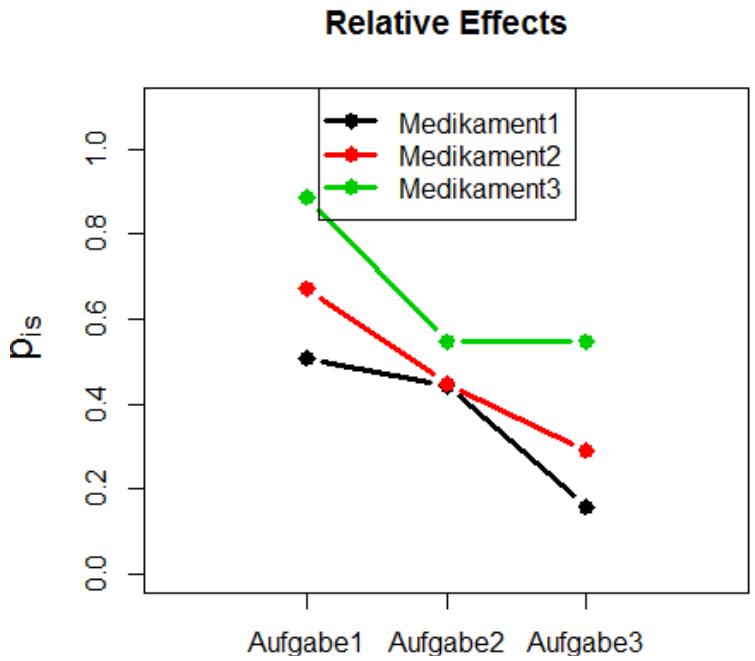
```
Call:
Fehler ~ Medikament * Aufgabe

Wald-Type Statistc (WTS):
                   Statistic df      p-value
Medikament          44.43367  2 2.245694e-10
Aufgabe             43.50097  2 3.580012e-10
Medikament:Aufgabe  12.38836  4 1.468530e-02

ANOVA-Type Statistc (ATS):
                   Statistic     df p-value
Medikament           21.8795 1.3076  0.0000
Aufgabe              18.5288 1.8559  0.0000
Medikament:Aufgabe    2.7744 1.9617  0.0635
```

Tabelle 5-16

Bei der Ausgabe von `ld.f2` gibt es die Möglichkeit, einzelne Teile auszugeben, etwa die ATS- (Anova-) Tabelle (`..$ANOVA.test`) oder die WTS- (Wald-Test-) Tabelle (`..$Wald.test`). Dies hat denVorteil, dass man über die Funktion `round` die Zahlendarstellung der Art xxxe-nn ändern kann.

```
                   Statistic     df p-value
Medikament           21.8795 1.3076  0.0000
Aufgabe              18.5288 1.8559  0.0000
Medikament:Aufgabe    2.7744 1.9617  0.0635
```

`ld.f2` gibt noch zusätzlich einen Interaktionsplot aus (siehe nächste Seite), allerdings der relativen Effekte (vgl. Kapitel 2.8) anstatt der Mittelwerte, da sich ja die Hypothesen auf erstere beziehen:



5. 4. 6 Bredenkamp Tests

Bredenkamp (vgl. Lienert, 1987, S. 1024 ff und Bredenkamp, 1974) hat für den Versuchsplan mit Messwiederholungen auf zwei Faktoren auch eine Lösung vorgeschlagen, die sich aber nicht mit dem verallgemeinerten Friedman-Test (vgl. Kapitel 5.4.3) deckt. Das Verfahren erfolgt analog zu dem für unabhängige Stichproben (vgl. Kapitel 4.3.8):

- Für den Test von Faktor A wird für jede Stufe von A die Summe der abhängigen Variablen über die Stufen von Faktor B ermittelt. Anschließend wird ein Friedman-Test über diese Summen durchgeführt.
- Der Test von Faktor B erfolgt analog zu dem o.a. Test für Faktor A.
- Für den Test der Interaktion wird zunächst ein Friedman-Test über alle Messwiederholungen durchgeführt. Von dem resultierenden χ^2-Wert werden die beiden χ^2-Werte von den Tests von A und B subtrahiert. Analog werden die Freiheitsgrade subtrahiert. Das Ergebnis wird schließlich in der Tabelle der χ^2-Verteilung überprüft.

Leider gibt es zu diesem Verfahren keine vergleichenden Tests.

5. 5 Fazit

Im Prinzip können hier nur die Ausführungen von Kapitel 4.5 wiederholt werden. Allerdings hat man hier mit den modifizierten F-Tests von Greenhouse & Geisser als auch Huynh & Feldt bessere Möglichkeiten, inhomogenen Varianzen zu begegnen.

Für die SPSS-Benutzer kommt hier erschwerend hinzu, dass wegen der Rangbildung der Messwiederholungen bei vielen nichtparametrischen Verfahren eine zweimalige Umstrukturierung des Datensatzes erforderlich wird. Dies lässt vielleicht den Untersucher auf die Robustheit der Varianzanalyse bauen.

Verfahren	Medikament	Aufgabe	Interaktion
parametrisch	< 0.001	< 0.001	0.023
parametrisch - Greenhouse & Geisser	< 0.001	< 0.001	0.075
parametrisch - Huynh & Feldt	0.001	< 0.001	0.068
Rank transform Test	< 0.001	< 0.001	0.046
normal scores (INT)	< 0.001	< 0.001	0.061
Aligned Rank Transform (ART)	< 0.001	< 0.001	0.017
ART+INT	< 0.001	< 0.001	0.027
Puri & Sen-Tests	0.002	0.004	0.021
Puri & Sen-Tests mit Iman-Davenport-Korr.	< 0.001	< 0.001	0.012
Akritas, Arnold & Brunner ATS	< 0.001	< 0.001	0.063

Tabelle 5-20

Abschließend werden in o.a. Tebelle 5-20 für den oben benutzten Datensatz (`mydata5`) die Ergebnisse aller Verfahren, und zwar die p-Werte für alle drei Effekte, in einer Tabelle gegenüber gestellt. Zu beachten ist, dass signifikante Abweichungen von der Varianzhomogenität (hier: Spherizität) vorliegen, so dass das parametrische Verfahren ohne Korrekturen zu möglicherweise falschen Signifikanzen führen kann. Schließlich sollte man - wie schon oben gesagt - die hier erzielten Ergebnisse nicht verallgemeinern.

6. Gemischte Versuchspläne

Unter *gemischten Versuchsplänen,* auch *Split Plot Designs* genannt, versteht man in der Regel solche, in denen sowohl Messwiederholungsfaktoren als auch Gruppierungsfaktoren enthalten sind. So wird im Folgenden davon ausgegangen, dass ein Merkmal x *J*-mal (unter verschiedenen Bedingungen) erhoben wurde, so dass Variablen $x_1,...,x_J$ vorliegen, deren Mittelwerte verglichen werden sollen. Die Struktur kann aber auch hier mehrfaktoriell sein. Die Ausgangssituation ist also ähnlich wie in Kapitel 5. Hier kommt allerdings hinzu, dass die Beobachtunsgeinheiten, z.B. Versuchspersonen, Gruppen zugeordnet sind, deren Einfluss ebenfalls getestet werden soll.

Der einachste Fall der in diesem Abschnitt betrachteten Versuchspläne beinhaltet jeweils einen Gruppierungsfaktor sowie einen Messwiederholungsfaktor. Allerdings unterscheiden sich mehrfaktorielle Designs, etwa mit zwei oder mehr Gruppierungsfaktoren oder mehreren Messwiederholungsfaktoren, nicht grundsätzlich von dem hier behandelten einfachen Fall. Verschiedentlich wird auf die Ausdehnung auf mehr als zwei Faktoren kurz eingegangen. Für den Fall zweier Messwiederholungsfaktoren sind zum Teil die Ergebnisse des letzten Kapitels 5 hier anzuwenden. Beispiele für 3-faktorielle Versuchspläne bieten die Datensätze 5, mit zwei Messwiederholungsfaktoren und einem Gruppierungsfaktor, sowie 6, mit einem Messwiederholungsfaktor und zwei Gruppierungsfaktoren, die zu Beginn des Kapitels 5 vorgestellt wurden.

An die Datenstruktur werden dieselben Anforderungen gestellt wie in Kapitel 5.1 beschrieben.

Im Folgenden wird weitgehend der einfache 2-faktorielle Fall behandelt. Ein entsprechender Datensatz bieten die Beispieldaten 4 (winer518).

6. 1 Voraussetzungen der parametrischen Varianzanalyse

Hier geht es um Versuchspläne, die sowohl abhängige als auch unabhängige Stichproben beinhalten. Für den einfachsten Fall einer 2-faktoriellen Varianzanalyse mit einem Gruppierungfaktor A (mit *I* Gruppen) und einem Messwiederholungsfaktor C (mit *J* Wiederholungen) lautet das Modell dann:

$$x_{ijm} = \mu + \alpha_i + \gamma_j + \alpha\gamma_{ij} + \pi_m + \varepsilon_{ijm} \quad (i=1,...,I \;, j=1,...,J \text{ und } m=1,...,n_i) \qquad (6\text{-}1)$$

Auch hier gibt es einen personenspezifischen Effekt: π_m. Die Voraussetzungen betreffen wiederum die Normalverteilung der Residuen und die Varianzhomogenität. Und hier kumulieren sich jetzt die Voraussetzungen der Analysen ohne Messwiederholungen (siehe Kapitel 4.1) sowie der Analysen mit Messwiederholungen (siehe Kapitel 5.2), die hier allerdings zum Teil etwas abgewandelt werden. Dazu kommen allerdings noch weitere, auf die nachfolgend näher eingegangen wird.

Doch zunächst wieder zur Normalverteilung der Residuen sowie der Personeneffekte π_m: Hier sind dieselben Schritte erforderlich wie in Kapitel 5.2 beschrieben.

Zur Varianzhomogenität hinsichtlich der Messwiederholungen: Auch hier ist wie in 5.2 beschrieben der Mauchly-Test auf Spherizizät (für alle Messwiederholungsfaktoren und deren Interaktionen) durchzuführen. Und im Fall von Inhomogenitäten wird wieder die Approximation von Huynh & Feldt (alternativ von Geisser & Greenhouse) empfohlen.

Doch was ist mit den Varianzhomogenitätstests aus Kapitel 4.1 ? Die sehen in diesem Versuchsplan anders aus. Die Spherizizät wird für die gesamte Kovarianzmatrix gefordert, unabhängig

von den Gruppenstrukturen. Das setzt aber voraus, dass die Kovarianzmatrizen für alle Gruppen (statistisch) gleich sind, um sie zu einer Matrix zusammenfassen zu können. Analog werden die o.a. Mauchly-Tests jeweils für alle Gruppen zusammen durchgeführt, d.h. es wird jeweils *eine* Kovarianzmatrix errechnet und geprüft. Diese Homogenität der Kovarianzmatrizen wird gefordert und müsste geprüft werden. Hierzu gibt es zwar den *Box-M-Test*, doch dieser setzt, ähnlich wie der Mauchly-Test, multivariate Normalverteilung der Messwiederholungsvariablen voraus. Das ist wesentlich mehr, als für die eigentliche Varianzanalyse gefordert wird. An dieser Stelle sollte man sich an die Bemerkungen in Kapitel 1.7 erinnern: Die Voraussetzungen zur Prüfung der Voraussetzungen sind restriktiver als die Voraussetzungen der eigentlichen Analyse und sind selten erfüllt. D.h. Ergebnisse dieses Voraussetzungstests sind mit besonderer Vorsicht zu betrachten. SPSS gibt bei Messwiederholungen den Box-Test aus, und für R wird eine entsprechende Funktion vom Autor zur Verfügung gestellt (vgl. Anhang 3.1).

Modifizierte F-Tests zur Kompensierung von Varianzheterogenitäten, wie etwa in Kapitel 4.2.2 oder 4.3.3 vorgestellt, sind für dieses Design nicht verbreitet. Lediglich Huynh (1987) hat für diesen Fall eine *general approximate procedure* (GA) sowie eine *improved general approximate procedure (*IGA*)* entwickelt, auf die aber hier nicht eingegangen wird.

Doch welche Alternativen gibt es? Eine ist die Folgende.

Statt der Homogenität der Kovarianzmatrizen wird die Homogenität der Fehler- oder Residuenvarianzen geprüft. Man kann sich das folgendermaßen vorstellen: Es wird für jede Gruppe des/der Gruppierungsfaktoren eine Varianzanalyse für den/die Messwiederholungsfaktoren gerechnet. Dann hat jeder Test eines Effektes (der Messwiederholungen) einen „eigenen“ Error-Term. Jeder dieser Fehlerterme muss nun über die Gruppen hinweg homogen sein. Das zu überprüfen ist ein mühseliges Unterfangen, zumal diese Fehlerterme von den Programmen nicht gruppenweise ausgewiesen werden. Es sei denn, man rechnet wirklich für jede Gruppe eine Varianzanalyse und vergleicht die Ergebnisse. Ähnlich wie bei der Analyse der Residuen kann man sich damit behelfen, dass für jede Messwiederholungsvariable ein Test auf Homogenität der Varianzen durchgeführt wird, z.B. mit dem schon mehrfach erwähnten Levene-Test. So macht es auch SPSS. Die damit geprüfte Homogenitätseigenschaft ist zwar notwendig, aber nicht hinreichend. D.h. statistisch gleiche Kovarianzmatrizen implizieren die o.a. Varianzhomogenität, aber nicht umgekehrt.

Alternativ gibt es sogar Varianzanalysen, die dieses Homogenitätsproblem umgehen:

- die in Kapitel 2.13 erwähnte Analyse für heterogene Varianzen von Welch & James,
- den in Kapitel 2.12.1 erwähnten und in Kapitel 5.2 kurz vorgestellten multivariaten Test (z.B. *Hotellings Spur*) zum Test des Messwiederholungseffekts, der die Spherizität umgeht, wobei die Interaktion von Messwiederholungsfaktor mit Gruppierungsfaktor sich als Haupteffekt des Gruppierungsfaktors angewandt auf die Differenzen errechnet,
- die in Kapitel 2.12.2 erwähnte Varianzanalyse von Koch, die den oben erwähnten multivariaten Test (z.B. *Hotellings Spur*) zum Test des Messwiederholungseffekts auf Rangdaten überträgt und damit das Problem der Spherizität umgeht.

Für beide Verfahren werden vom Autor R-Funktionen bereitgestellt (siehe Anhang 3) und am Ende dieses Kapitels in einem Beispiel vorgestellt.

Wie schon mehrfach vorher erwähnt, befreien nichtparametrische Verfahren nicht von der Überprüfung der Homogenitätsvoraussetzung, da die Rangtransformationen in der Regel solche Heterogenitäten erhalten, bestenfalls abschwächen.

6. 2 Parametrische Varianzanalyse und Prüfung der Voraussetzungen

Auch hier soll zunächst einmal zum Vergleich die parametrische Varianzanalyse durchgeführt und die Prüfung der Voraussetzungen gezeigt werden. Das Prozedere wie auch die Ergebnisse sind zum Teil zwangsläufig mit denen aus Kapitel 5.3.1 identisch. Dieses wird noch einmal für den Fall gemischter Versuchspläne erläutert.

Zur Berechnung der Residuen gibt es folgende Möglichkeit: Der oder die Messwiederholungsfaktoren C, D,.. werden als Gruppierungsfaktoren gehandhabt. Dazu muss der Datensatz umstrukturiert werden, indem die Messwiederholungen in Fälle gewandelt werden. (Dies ist in R ohnehin für Analysen mit Messwiederholungen erforderlich.) Dann wird folgendes Modell *ohne* Messwiederholungen analysiert:

A*C*D + Vpn (6-2)

wobei Vpn die Fallkennung, z.B. Versuchspersonennummer, ist. Die Residuen dieses Modells sind die Residuen des Modells mit dem Gruppierungsfaktor A sowie mit Messwiederholungen auf C (und D). Dies gilt auch analog für mehrere Gruppierungsfaktoren A, B,...

Dies ist zwar prinzipiell auch bei SPSS möglich, verursacht aber wegen der erforderlichen Umstrukturierung etwas Aufwand. SPSS gibt allerdings für jede Messwiederholungsvariable x_j andere Residuen aus: $e'_{ijm} = x_{ijm} - \alpha\gamma_{ij} - \alpha_i - \gamma_j$. Aus dem Modell 6-1 ergibt sich für diese $e'_{ijm} = \pi_m + e_{ijm}$, d.h. um die Residuen e_{ijm} zu erhalten, müssen von den e'_{ijm} die π_m subtrahiert werden. Die Subtraktion von $\bar{p}$ von p_m zur Ermittlung von π_m kann entfallen, da sie für die Beurteilung der Residuen e_{im} ohne Bedeutung ist. Die erforderlichen Schritte sind dann:

- Speichern der Residuen: e'_{ijm} ,
- Ermitteln des Personeneffekts π_m aus

  $p_m = \left(\sum_j^J x_{jm}\right) / J$ und

  a_i = Mittelwert der p_m für Gruppe i :

  $\pi_m = (p_m - \bar{p} - a_i)$,
- und schließlich $e_{ijm} = e'_{ijm} - \pi_m$.

Wie bei dieser Art der Residuen-Ermittlung diese gehandhabt und beurteilt werden können, wurde bereits in Kapitel 5.3.1 erläutert. Wie man sieht, ist dieses Verfahren relativ aufwändig, insbesondere wenn das Design mehrere Gruppierungsfaktoren enthält. Insofern empfiehlt es sich, das oben skizzierte Verfahren 6-2 anzuwenden.

Wenn man in den nachfolgenden Beispielrechnungen das Ergebnis des Mauchly-Tests hier mit dem aus 5.3.1 vergleicht, mögen die unterschiedliche Ergebnisse irritieren, da ja eigentlich die Gruppenstruktur nicht in den Test einfließen sollte. Tut sie aber doch. Denn hier werden im Gegensatz zum Modell ohne Gruppierungsfaktoren *gepoolte* Kovarianzmatrizen errechnet. D.h. die Berechnung erfolgt quasi gruppenweise, bevor die Matrizen zusammengefasst werden. Der Unterschied kann u.a. durch die verschiedenen Gruppenmittelwerte verursacht werden. Hierher rührt auch die in 6.1 erwähnte Voraussetzung der Homogenität der Kovarianzmatrizen.

mit R:

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Zunächst wird die Anova zum Vergleich mit der Standardfunktion `aov` durchgeführt, wenn das auch i.a. nicht sinnvoll ist, weil die Funktion `ezANOVA` zugleich den Mauchly-Test durchführt

(siehe unten). Dabei werden durch den Modellterm `Error(Vpn/Zeit)` die Messwiederholungen auf dem Faktor `Zeit` gekennzeichnet:

```
aov1 <- aov(score~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t)
summary (aov1)
```

```
Error: Vpn
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Geschlecht  1   3.33   3.333   0.472  0.512
Residuals   8  56.53   7.067

Error: Vpn:Zeit
               Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Zeit            2  58.07  29.033   22.05 2.52e-05 ***
Geschlecht:Zeit  2  44.87  22.433   17.04 0.000109 ***
Residuals       16  21.07   1.317
```

Tabelle 6-1

Zunächst einmal zur Prüfung der Residuen ε_{ijm} auf Normalverteilung. Diese lassen sich, wie oben erläutert, bequem als Residuen eines Anova-Modells ohne Messwiederholungen ermitteln:

```
aov2<-aov(score~Geschlecht*Zeit+Vpn, winer518t)
res<-aov2$residuals
hist(res)
shapiro.test(res)
```

Da die Ergebnisse denen aus Kapitel 5.3.1 weitgehend ähnlich sind, wird auf die Wiedergabe hier verzichtet. Die Überprüfung der Normalverteilung der versuchspersonenspezifischen Abweichungen π_m ist dieselbe wie in Kapitel 5.3.1.

Die Überprüfung der Sphärizität mittels des Mauchly-Tests wird mit der Funktion `ezANOVA` des Pakets `ez` vorgenommen:

```
library(ez)
ezANOVA(winer518t, score, Vpn, within=Zeit, between=Geschlecht)
```

```
$ANOVA
           Effect DFn DFd          F            p p<.05        ges
2      Geschlecht   1   8  0.4716981 5.116202e-01       0.04118616
3            Zeit   2  16 22.0506329 2.522847e-05     * 0.42800983
4 Geschlecht:Zeit   2  16 17.0379747 1.086241e-04     * 0.36635819

$`Mauchly's Test for Sphericity`
           Effect         W         p p<.05
3            Zeit 0.9306201 0.7775055
4 Geschlecht:Zeit 0.9306201 0.7775055

$`Sphericity Corrections`
           Effect       GGe        p[GG]           HFe        p[HF]
3            Zeit 0.9351214 4.280809e-05       1.209851 2.522847e-05
4 Geschlecht:Zeit 0.9351214 1.683544e-04       1.209851 1.086241e-04
```

Tabelle 6-2

Der Aufbau der Tabelle 6-2 wurde bereits kurz in 5.3.1 erläutert. Die Anova-Tabelle ist

natürlich mit der in Tabelle 6-1 identisch. Da der Mauchly-Test keine Signifikanz zeigt, werden die Ergebnisse aus der ersten Tabelle (ANOVA) verwendet.

Für den Box-M-Test auf Homogenität der Kovarianzmatrizen gibt es zwar eine Funktion boxM im Paket biotools, diese brachte aber bei einem Vergleich falsche Resultate. Deswegen sei auf die entsprechende Funktion boxm.test im Anhang 3 verwiesen. Diese verlangt als Eingabe einen Dataframe mit den Messwiederholungsvariablen (also *nicht* den umstrukturierten Datensatz), hier also winer518, sowie den Gruppierungsfaktor, der vom Typ „factor“ sein muss:

```
boxm.test(winer518[,3:5],winer518$Geschlecht)
```

Die Ausgabe enthält alle Statistiken, es können aber auch Teilresultate abgefragt werden. Relevant ist lediglich der p-Wert, hier 0,622, wonach die Homogenität gewährleistet ist:

```
 MBox F df1 df2 P
------------------------------------------------------------
    7.5870     0.7344          6           463       0.6221
------------------------------------------------------------
Covariance matrices are not significantly different.
```

Alternativ die Überprüfung der Gleichheit der Fehlervarianzen: Hier werden der Einfachheit halber für die drei Messwiederholungsvariablen (Variablenindizes 3,4,5) jeweils die Gruppenvarianzen mit dem Levene-Test überprüft. Auch hier wird der ursprüngliche Dataframe winer518 benutzt. In diesem Fall liegt nur ein Gruppierungsfaktor vor. Somit lassen sich alle Variablen mittels apply in einem Funktionsaufruf überprüfen:

```
library(car)
apply(winer518[,3:5], 2 ,leveneTest,win_518$Geschlecht)
```

```
$t1
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  1     0.1 0.7599
       8

$t2
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  1       0      1
       8

$t3
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  1    0.05 0.8287
       8
```

Da keines der Ergebnisse signifikant ist, kann die Varianzhomogenität angenommen werden.

mit SPSS:

Varianzanalysen mit Messwiederholungen erhält man in SPSS über das Menü „Allgemeines lineares Modell -> Messwiederholung“. Die Syntax für den Beispieldatensatz 4 (winer518) mit Ausgabe der Homogenitätstests lautet:

```
GLM t1 t2 t3  by Geschlecht
  /wsfactor=Zeit 3 polynomial
  /print homogeneity
  /wsdesign=Zeit
  /design=Geschlecht.
```

mit folgender Ausgabe des Mauchly-Tests, der Anova-Tabelle für die Messwiederholungseffekte (Innersubjekteffekte) und der Anova-Tabelle für den Gruppierungsfaktor (Zwischensujekteffekte), wobei der Mauchly-Test keine Inhomogenitäten zeigt, so dass die Ergebnisse der Zeile „Spherizität angenommen“ verwendet werden können:

Mauchly-Test auf Sphärizität[a]							
Innersubjekteffekt	Mauchly-W	Approximiertes Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon[b]		
					Greenhouse-Geisser	Huynh-Feldt	
Zeit	,931	,503	2	,778	,935	1,000	

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	58,067	2	29,033	22,051	,000
	Greenhouse-Geisser	58,067	1,870	31,048	22,051	,000
	Huynh-Feldt	58,067	2,000	29,033	22,051	,000
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angen.	44,867	2	22,433	17,038	,000
	Greenhouse-Geisser	44,867	1,870	23,990	17,038	,000
	Huynh-Feldt	44,867	2,000	22,433	17,038	,000
Fehler(Zeit)	Sphärizität angen.	21,067	16	1,317		
	Greenhouse-Geisser	21,067	14,962	1,408		
	Huynh-Feldt	21,067	16,000	1,317		

Tests der Zwischensubjekteffekte					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	546,133	1	546,133	77,283	,000
Geschlecht	3,333	1	3,333	,472	,512
Fehler	56,533	8	7,067		

Tabelle 6-3

Darüberhinaus werden über den Zusatz `/print homogeneity` der Box-M-Test zur Überprüfung der Gleichheit der Kovarianzamatrizen für die beiden Gruppen sowie für alle 3 Variablen ein Levene-Test auf Gleichheit der Zellenvarianzen ausgegeben:

Box-Test auf Gleichheit der Kovarianzenmatrizen	
Box-M-Test	7,587
F	,734
df1	6
df2	463,698
Sig.	,622

Der Box-Test zeigt keine Ungleichheit der Varianzen, so dass eine Voraussetzung für die Durchführung des Mauchly-Tests gegeben ist, wenn ihm auch nicht allzu viel Bedeutung beigemessen werden sollte.

Levene-Test auf Gleichheit der Fehlervarianzen[a]				
	F	df1	df2	Sig.
t1	,159	1	8	,700
t2	,000	1	8	1,000
t3	,015	1	8	,905

Da alle drei Tests nicht signifikant sind, kann auch die Homogenität der Fehlervarianzen angenommen werden.

Bleibt noch die Überprüfung der Residuen auf Normalverteilung. Dazu wird das am Eingang dieses Kapitels genannte Modell ohne Messwiederholungen 6-2 gerechnet. Zunächst muss der Datensatz umstrukturiert werden, so dass aus den 3 Messwiederholungen jeweils 3 Fälle erzeugt werden. Das ist im Anhang 1.1.1 ausführlich beschrieben. Die Syntax hierfür lautet:

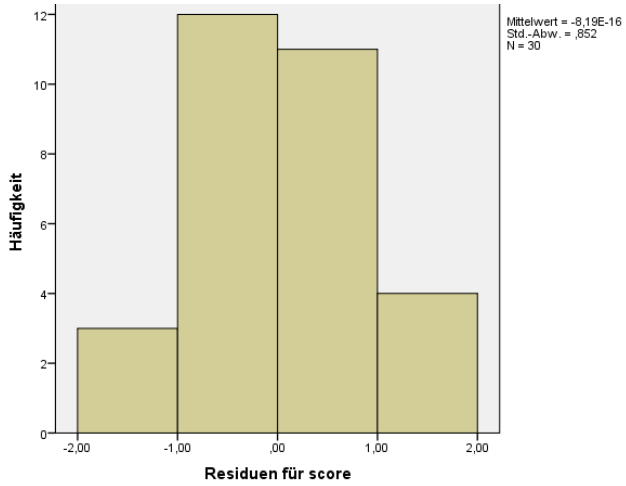
```
Varstocases
  /id=Vpn
  /make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.
```

Die ersten Fälle des umstrukturierten Datensatzes sehen etwa folgendermaßen aus:

	Vpn	Geschlecht	Zeit	score
1	1	1	1	4
2	1	1	2	7
3	1	1	3	2
4	2	1	1	3
5	2	1	2	5
6	2	1	3	1
7	3	1	1	7
8	3	1	2	9

Für diesen Datensatz wird nun eine Varianzanalyse mit den Faktoren `Vpn`, `Geschlecht` und `Zeit` gerechnet, wobei das Modell angepasst werden muss: Anstatt des gesättigten Modells sind neben den Haupteffekten die Interaktion `Geschlecht*Zeit` auszuwählen. Ferner müssen die Residuen gespeichert werden, die anschließend den Namen `RES_1` haben. Schließlich werden diese dann in `Examine` (Explorative Datenanalyse) mittels Shapiro-Test und Histogramm auf Normalverteilung überprüft. Die Anweisungen hierfür:

```
Unianova score BY Geschlecht Zeit Vpn
  /save=resid
  /design=Geschlecht Zeit Geschlecht*Zeit Vpn.

Examine variables=RES_1
  /plot histogram.
```



Das automatisch erzeugte Histogramm basiert zunächst auf 11 Intervallen, was bei einem *n* von 30 keinen Sinn macht. Möglich wären hier 4, 5 oder 6 Intervalle (vgl. Kapitel 1.6), so dass eine Nachbereitung mit dem Grafikeditor erforderlich ist und o.a. Abbildung erzeugt.

Tests auf Normalverteilung						
	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistik	df	Signifikanz	Statistik	df	Signifikanz
RES_1	,126	30	,200*	,959	30	,288

Auf Basis dieser Ergebnisse kann man die Residuen als normalverteilt annehmen.

6. 3 Rank transform-Tests (RT)

Bei dem Rank transform Test werden lediglich die Werte der abhängigen Variablen über alle Messwiederholungen und Gruppen hinweg in Ränge gewandelt, um mit diesen dann eine „normale“ parametrische Varianzanalyse zu rechnen. Auch hier sollte man den Mauchly-Test durchführen, um die korrigierten F-Tests von Huynh & Feldt zu benutzen, selbst falls die Sphärizität gegeben ist. Dieses Verfahren soll wieder am Beispieldatensatz 4 demonstriert werden.

mit R:

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Zunächst wird die Variable `score` in Ränge umgerechnet, anschließend die Anova mit der `ezANOVA` durchgeführt, um die Ergebnisse des Mauchly-Tests zu erhalten:

```
winer518t <- within(winer518t,Rscore<-rank(score))
ezANOVA(winer518t,Rscore,Vpn,within=Zeit,between=Geschlecht,detailed=T)
```

```
$ANOVA
           Effect DFn DFd        SSn      SSd          F            p
2      Geschlecht   1   8   53.33333 701.8333  0.6079316 4.580116e-01
3            Zeit   2  16  698.60000 249.9667 22.3581811 2.325487e-05
4 Geschlecht:Zeit   2  16  501.26667 249.9667 16.0426724 1.502651e-04

$`Mauchly's Test for Sphericity`
           Effect         W         p p<.05
3            Zeit 0.9861432 0.9523355
4 Geschlecht:Zeit 0.9861432 0.9523355
```

```
$`Sphericity Corrections`
           Effect       GGe        p[GG] p[GG]<.05  HFe        p[HF]
3            Zeit 0.9863326 2.602008e-05     * 1.306878 2.325487e-05
4 Geschlecht:Zeit 0.9863326 1.640879e-04     * 1.306878 1.502651e-04
```

Tabelle 6-3

Obwohl der Mauchly-Test keine Signifikanzen zeigt, wird empfohlen, die korrigierten F-Tests von Hynh-Feldt zu benutzen. Dessen Ergebnisse weichen nicht nennenswert von denen der o.a. parametrischen Analyse (Tabelle 6-2) ab. Die Voraussetzung der Normalverteilung braucht hier nicht geprüft werden.

mit SPSS:

Ausgangspunkt ist hier der im Kapitel 5.3.3 umstrukturierte Datensatz. Für diesen wird zunächst die Variable `score` in Ränge gewandelt und erhält den Namen `Rscore`, bevor der Datensatz dann wieder in die Ausgangsform zurücktransformiert wird (vgl. Anhang 1.2). Dabei wird `Rscore` für die 3 Zeitstufen zu `Rscore.1,Rscore.2,Rscore.3,` Schließlich wird dann für diese Variablen wie im vorigen Kapitel die parametrische Varianzanalyse durchgeführt.

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.

Rank variables=score (A)
  /Rank into Rscore.

Sort cases by Vpn Zeit.

Casestovars
  /Id=Vpn
  /Index=Zeit
  /Groupby=variable.
```

Hier der Datensatz nach der erneuten Umstrukturierung:

	Vpn	Geschlecht	score.1	score.2	score.3	Rscore.1	Rscore.2	Rscore.3
1	1	1	4	7	2	14,000	26,000	8,500
2	2	1	3	5	1	11,500	18,000	3,500
3	3	1	7	9	6	26,000	29,500	22,500
4	4	1	6	6	2	22,500	22,500	8,500
5	5	1	5	5	1	18,000	18,000	3,500
6	6	2	8	2	5	28,000	8,500	18,000
7	7	2	4	1	1	14,000	3,500	3,500
8	8	2	6	3	4	22,500	11,500	14,000
9	9	2	9	5	2	29,500	18,000	8,500
10	10	2	7	1	1	26,000	3,500	3,500

```
GLM Rscore.1 Rscore.2 Rscore.3  by Geschlecht
  /wsfactor=Zeit 3 polynomial
  /wsdesign=Zeit
  /design=Geschlecht.
```

Nachfolgend zunächst der Test auf Spherizität (Varianzhomogenität), danach die Ergebnisse der Varianzanalyse für den Effekt des Gruppierungsfaktors und zuzletzt die Effekte des Messwiederholungsfaktors (Innersubjekteffekte). Bei diesen wird empfohlen, die Resultate aus der Zeile „Huynh-Feldt“ abzulesen, obwohl der entsprechende Mauchly-Test keine Signifikanzen aufweist.

Mauchly-Test auf Sphärizität[a]						
Innersubjekteffekt	Mauchly W	Approxi. Chi-Quadrat	df	Sig.	Epsilon[b]	
					Greenhouse-Geisser	Huynh-Feldt
Zeit	,986	,098	2	,952	,986	1,000

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	7207,500	1	7207,500	82,156	,000
Geschlecht	53,333	1	53,333	,608	,458
Fehler	701,833	8	87,729		

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	698,600	2	349,300	22,358	,000
	Greenhouse-Geisser	698,600	1,973	354,140	22,358	,000
	Huynh-Feldt	698,600	2,000	349,300	22,358	,000
	Untergrenze	698,600	1,000	698,600	22,358	,001
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angen.	501,267	2	250,633	16,043	,000
	Greenhouse-Geisser	501,267	1,973	254,106	16,043	,000
	Huynh-Feldt	501,267	2,000	250,633	16,043	,000
	Untergrenze	501,267	1,000	501,267	16,043	,004
Fehler(Zeit)	Sphärizität angen.	249,967	16	15,623		
	Greenhouse-Geisser	249,967	15,781	15,839		
	Huynh-Feldt	249,967	16,000	15,623		
	Untergrenze	249,967	8,000	31,246		

Tabelle 6-4

Die Ergebnisse weichen nicht nennenswert von denen der o.a. parametrischen Analyse ab. Weitere Voraussetzungen brauchen hier nicht geprüft werden.

6. 4 Puri & Sen-Tests

6. 4. 1 klassische Puri & Sen-Tests

Zunächst werden die klassischen Puri & Sen-Tests vorgestellt, bei denen die beobachteten Werte wie beim o.a. RT-Verfahren über alle *n* Merkmalsträger und alle *J* Messwiederholungen hinweg in Ränge (Wilcoxon-Ränge) transformiert werden. Da die F-Tests hier nicht interessieren, ist auch eine Überprüfung der Spherizität bei den Puri & Sen-Tests nicht erforderlich.

Folgende Schritte sind für eine Analysevariable `x` durchzuführen:

- Mit diesen Rängen wird eine parametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen durchgeführt.
- Auf Basis der Anova-Tabelle werden folgende χ^2-Tests aufgestellt:
  Für die Effekte ohne Messwiederholungsfaktoren, z.B. A, B, A*B (vgl. Formel 2-6b):

  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{zwischen}}$$

  und für die Effekte (Haupteffekte und Interaktionen) mit Messwiederholungsfaktoren z.B. C, D, A*C, A*D, B*C, ...A*B*C,... (vgl. Formel 2-7):

  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{(SS_X + SS_{Fehler})/(df_X + df_{Fehler})}$$

  wobei
  - SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (Sum of Squares) des zu testenden Effektes,
  - $MS_{zwischen}$ die Varianz der gesamten Zwischensubjektstreuung (MS, Mean Square), die die Streuung aller Gruppierungsfaktoren und deren Interaktionen sowie der damit verbundenen Fehlerstreuung beinhaltet,
  - SS_{Fehler} die Streuungsquadratsumme des zum Effekt gehörenden Fehlers ist sowie
  - SS_X die Streuungsquadratsummen aller Effekte, die SS_{Fehler} als Fehlerterm haben, also insbesondere der zu testende Effekt SS_{Effekt} sowie Interaktionen mit allen Gruppierungsfaktoren,
  - df_X die entsprechenden Freiheitsgrade.

  (Der Nenner der χ^2-Tests für die Messwiederholungsfeffekte entspricht genau $MS_{innerhalb}$, also der Varianz innerhalb der Versuchspersonen.)
- Die χ^2-Werte sind dann in den Tafeln für den χ^2-Test auf Signifikanz zu überprüfen, wobei die Freiheitsgrade die Zählerfreiheitsgrade (df_{Effekt}) des entsprechenden F-Tests sind.
- Die χ^2-Werte für die Tests, die ausschließlich Messwiederholungsfaktoren beinhalten, also C, D, C*D, sollten alternativ gemäß Iman & Davenport (vgl. Formel 2-1b) in F-Werte umgerechnet werden. In diesem Fall entspricht dies:

  $$F = \frac{(N-1)\chi^2}{df_X + df_{Fehler} - \chi^2}$$

  wobei df_X und df_{Fehler} die o.a. Freiheitsgrade sind.

Die Nenner der χ^2-Werte für die Messwiederholungseffekte mag etwas verwirren. Falls nur ein Messwiederholungsfaktor (z.B. C) vorliegt, ist der Nenner $MS_{innerhalb}$. SS_X besteht dann aus den Streuungsquadratsummen SS_C, SS_{AC}, SS_{BC}. Hierzu wird der dazugehörige Fehlerterm (Residuen) addiert und durch die Summe der dazugehörenden Freiheitsgrade dividiert. (Bei nur einem Gruppierungsfaktor fällt natürlich eine Interaktion weg.) Falls z.B. zwei Messwiederholungsfaktoren (z.B. C und D) vorliegen, hat man schon 3 Fehlerterme für die Messwiederholungseffekte, je einen für die Tests von C, D und C*D (vgl. dazu die 2-faktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholungen, Tabellen 5-4 und 5-6).

- Für den Test von C ist dann $SS_X = SS_C + SS_{AC} + SS_{BC}$
- für den Test von D ist $SS_X = SS_D + SS_{AD} + SS_{BD}$

- und für den Test von C*D ist $SS_X = SS_{CD} + SS_{ACD} + SS_{BCD}$

Analog summieren sich die Freiheitsgrade.

6. 4. 2 Verallgemeinerte Kruskal-Wallis-Friedman-Tests (KWF)

Dagegen wird die Rangtransformation nach dem KWF-Verfahren anders vorgenommen: Zum einen erhält jede Erhebungseinheit (Vpn) einen Rang, zum anderen werden wie beim Friedman-Test pro Vpn Ränge für die einzelnen Messwiederholungen vergeben (*Friedman-Ränge*). Beide Ränge werden dann zu einem zusammengefasst. Darüber hinaus werden nicht die F-Tests verwendet, sondern aus den Streuungsquadratsummen (SS, Sum of Sq) werden χ^2-Tests konstruiert. Die Tests der Haupteffekte (in den Beispielen z.B. Geschlecht und Zeit) sind mit denen von Kruskal-Wallis bzw. von Friedman identisch. Da die F-Tests hier nicht interessieren, ist auch eine Überprüfung der Sphärizität nicht erforderlich.

Folgende Schritte sind für eine Analysevariable `x` durchzuführen:

- Für die Analyse-Variable `x` (Variablen $x_1,...,x_J$) für jede Erhebungseinheit (Versuchsperson) *m* die Summe aller Messwiederholungen (`Sum`) errechnen
- Diese Summen `Sum` in Ränge (`RSum`) umrechnen.
- Für jede Erhebungseinheit (Versuchsperson) *m* werden die Werte $x_1,...,x_J$ in Ränge (1,...,*J*) transformiert und ergeben $Rx_{m1},...,Rx_{mJ}$.
- Für jede Erhebungseinheit *m* und Messwiederholung j=1,...,*J* berechnen von
  $(RSum_m - 1)*J + Rx_{mj}$
- Mit diesen Rängen wird eine parametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen durchgeführt.
- Schließlich werden wie beim Puri & Sen-Verfahren (siehe oben 6.4.1) die χ^2-Tests durchgeführt.

6. 4. 3 Ein Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Für ein 2-faktorielles Design werden die Schritte am Datensatz des Beispiels 4 (`winer518`) demonstriert.

mit R:

Zunächst die relativ einfache Durchführung der klassischen Puri & Sen-Tests: Dazu genügt es, die für die Berechnung der χ^2-Werte erforderlichen Streuungsquadratsummen aus der Tabelle 6-3 (Kapitel 6.3) zu entnehmen: Die Spalten `SSn` enthalten die SS_{Effekt}, die Spalten `SSd` die SS_{Fehler} und natürlich `DFn` und `DFd` die dazugehörigen Freiheitsgrade. In diesem Fall ist es am einfachsten, die χ^2-Werte daraus „mit der Hand“ auszurechnen:

$$MS_{zwischen} = \frac{53,3 + 701,8}{1 + 8} = 83,9$$

$$\chi^2_{Geschlecht} = \frac{53,3}{83,9} = 0,635$$

$$\chi^2_{Zeit} = \frac{698,6}{(698,6 + 501,3 + 249,9)/(2 + 2 + 16)} = 9,64$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{501,3}{(698,6 + 501,3 + 249,9)/(2 + 2 + 16)} = 6,915$$

Ergebnisse 6-1

Die für die Tests erforderlichen Freiheitsgrade enstsprechen den Zählerfreiheitsgraden der parametrischen Varianzanalyse, d.h. der Spalte `DFn`. Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1) sowie bei 6,0 bzw. 9,2 (df=2). Somit sind der Effekt `Zeit` sowie die Interaktion signifikant.

Alternativ kann auch die Funktion `np.anova` (siehe Anhang 3.6) dazu benutzt werden:

```
np.anova(score~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t,method=2)
```

Nun zur Rangtransformation nach dem KWF-Verfahren. Zunächst wird die elementare Berechnung vorgestellt. Die ersten Schritte sind weitgehend dieselben wie in Kapitel 5.1.2. Zusätzlich sind am Anfang erforderlich:

- Die Summe der Variablen `t1,.,t3` errechnen und diese in Ränge (`Rsum`) wandeln.

Nach der Umstrukturierung noch folgende Schritte:

- Die Messwiederholungsvariablen pro Vpn in Friedman-Ränge `Rscore` umrechnen.
- Aus `Rsum` und `Rscore` die zu analysierende Variable `Ry` bilden.

Schließlich wird die Anova mit `aov` oder `ezANOVA` durchgeführt. (Falls die χ^2-Werte „mit der Hand“ ausgerechnet werden, empfiehlt sich die Verwendung von `aov`. Soll dagegen die Berechnung in R programmiert werden, ist `ezANOVA` vorzuziehen.)

```
Rsum     <- rank(rowSums(winer518[,3:5]))
Vpn      <- 1:10
winer518 <- cbind(Vpn,Rsum,winer518)
winer518 <- within(winer518,
             {Geschlecht<-factor(Geschlecht); Vpn<-factor(Vpn)})
winer518t<- reshape(winer518,direction="long",timevar="Zeit",
     v.names="score", varying=c("t1","t2","t3"),idvar="Vpn")
winer518t<- within(winer518t, Zeit<-factor(Zeit))
Rscore   <- ave(winer518t$score,winer518t$Vpn,FUN=rank)
Ry       <- (Rsum-1)*3 + Rscore
aov3     <- aov(Ry~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t)
summary (aov3)
```

bzw. alternativ mit `ezANOVA`, wobei zu beachten ist, dass alle verwendeten Variablen Teil des angegebenen Dataframes sein müssen (während `aov` da weniger penibel ist und auch andere Variablen akzeptiert, sofern sie die passende Länge haben) und dass mit `detailed=T` die Streuungsquadratsummen ausgegeben werden:

```
winer518t <- cbind(winer518t,Rscore,Ry)
ezANOVA(winer518t,Ry,Vpn,within=Zeit,between=Geschlecht,detailed=T)
```

```
Error: Vpn
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Geschlecht  1   24.3    24.3   0.089  0.773
Residuals   8 2176.2   272.0

Error: Vpn:Zeit
               Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Zeit            2    8.6   4.300    34.4 1.61e-06 ***
Geschlecht:Zeit 2    7.4   3.700    29.6 4.20e-06 ***
Residuals      16    2.0   0.125
```

Tabelle 6-5

In diesem Fall ist es am einfachsten, die χ^2-Werte aus den Spalten „Sum Sq“ und „Df“ „mit der Hand“ auszurechnen:

$$MS_{zwischen} = \frac{24,3 + 2176,2}{1 + 8} = 244,5$$

$$\chi^2_{Geschlecht} = \frac{24,3}{244,5} = 0,1$$

$$\chi^2_{Zeit} = \frac{8,6}{(8,6 + 7,4 + 2,0)/(2 + 2 + 16)} = 9,56$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{7,4}{(8,6 + 7,4 + 2,0)/(2 + 2 + 16)} = 8,22$$

Ergebnisse 6-2

Die für die Tests erforderlichen Freiheitsgrade enstsprechen den Zählerfreiheitsgraden der parametrischen Varianzanalyse. Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1) sowie bei 6,0 bzw. 9,2 (df=2). Somit sind der Effekt `Zeit` sowie die Interaktion stark signifikant.

Die Ausgabe der Anova-Tabelle von `ezANOVA` (zum Vergleich):

```
$ANOVA
           Effect DFn DFd    SSn    SSd            F             p
1     (Intercept)   1   8 7207.5 2176.2  26.49572650  8.771197e-04
2      Geschlecht   1   8   24.3 2176.2   0.08933002  7.726474e-01
3            Zeit   2  16    8.6    2.0  34.40000000  1.606176e-06
4 Geschlecht:Zeit   2  16    7.4    2.0  29.60000000  4.199689e-06
```

Hier bezeichnen `SSn` die Sum of Squares des jeweiligen Effekts und `SSd` die Streuung des dazugehörenden Fehler- (Residuen) Terms. Bei diesem vergleichsweise einfachen Design sind die χ^2-Werte für die Effekte der Gruppierungs- wie auch der Messwiederholungsfaktoren gleich aufgebaut. Liegen allerdings mehrere Gruppierungsfaktoren vor, ist das Prozedere etwas schwieriger, da bei $MS_{zwischen}$ mehr als Effekt- und Residuenstreuung zu berücksichtigen sind. Dazu wird auf die nachfolgenden Kapitel verwiesen, da statt dessen die Verwendung der u.a. R-Funktion empfohlen wird.

Die Umrechnung der χ^2-Werte in F-Werte gemäß Iman & Davenport erübrigt sich hier, da diese nur für den Effekt `Zeit` vorgenommen werden kann, was bereits früher gezeigt wurde.

Alternativ kann auch die Funktion `np.anova` (vgl. Anhang 3.6) angewandt werden. Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Basis ist auch hierfür der umstrukturierte Datensatz (`winer518t`). Eingabe und Ausgabe:

```
np.anova(score~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit), winer518t)
```

```
generalized Kruskal-Wallis/Friedman (Puri & Sen) tests including Iman
& Davenport F-tests
                  Df Sum Sq  Chisq Pr(>Chi) F value   Pr(>F)
Geschlecht         1   24.3 0.1064  0.74424
Residuals Btw.Vpn  8 2030.4
Zeit               2    8.6 9.5556  0.00841  8.2340 0.003478 **
Geschlecht:Zeit    2    7.4 8.2222  0.01639  6.2830 0.009686 **
Residuals         16    2.0
```

mit SPSS:

Zunächst die relativ einfache Durchführung der klassischen Puri & Sen-Tests: Dazu genügt es, die für die Berechnung der χ^2-Werte erforderlichen Streuungsquadratsummen aus der Tabelle 6-4 (Kapitel 6.3) zu entnehmen: Die Spalten `Quadratsummen` enthalten die SS_{Effekt} bzw. SS_{Fehler} und natürlich `df` die dazugehörigen Freiheitsgrade. Die χ^2-Werte sind daraus „mit der Hand“ auszurechnen. Die Berechnung der χ^2-Werte ist oben bei R unter Ergebnisse 6-1 wiedergegeben.

Nun zur etwas aufwändigeren Rangtransformation nach dem KWF-Verfahren. Die ersten Schritte sind weitgehend dieselben wie in Kapitel 5.1.2. Zusätzlich sind am Anfang erforderlich:

- Errechnen der Summe der Messwiederholungsvariablen (`Sum`) Transformation in Ränge (`RSum`).
- Umstrukturieren des Datensatzes, so dass aus den 3 Messwiederholungen jeweils 3 Fälle erzeugt werden. Das ist im Anhang 1.1.1 ausführlich beschrieben.
- Pro Vpn aus den Werten von `score` die Ränge `Rscore` errechnen.
- Aus `RSum` und `Rscore` die zu analysierende Variable `Ry` errechnen.
- Zurücktransformieren des Datensatzes wie in Kapitel 6.2.2., wobei aus `Ry` für die 3 Zeitpunkte die Variablen `Ry.1, Ry.2, Ry.3` entstehen.
- Durchführen der Varianzanalyse

Die hierfür erforderlichen SPSS-Anweisungen:

```
compute sum=t1+t2+t3.
rank variables=Sum (A)
  /rank into RSum.

Varstocases
  /Id=Vpn
  /make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht Sum RSum
  /null=keep.

rank variables=score(A) by Vpn
  /rank into RScore.

compute Ry=(RSum-1)*3 + RScore.

Casestovars
  /Id=Vpn
  /Index=Zeit
  /Groupby=variable.

GLM Ry.1 Ry.2 Ry.3  by Geschlecht
  /wsfactor=Zeit 3 polynomial
  /wsdesign=Zeit
  /design=Geschlecht.
```

Nachfolgend die Ergebnisse der Varianzanalyse, zunächst die Effekte des Messwiederholungsfaktors (Innersubjekteffekte), danach der Effekt des Gruppierungsfaktors (Zwischensubjekteffekte). Da eine Prüfung der Spherizität hier entfällt, interessieren in der Anova-

Tabelle nur die Zeilen mit den unkorrigierten F-Tests.

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	8,600	2	4,300	34,400	,000
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angen.	7,400	2	3,700	29,600	,000
Fehler(Zeit)	Sphärizität angen.	2,000	16	,125		

Tabelle 6-6a

Quelle	Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	7207,500	1	7207,500	26,496	,001
Geschlecht	24,300	1	24,300	,089	,773
Fehler	2176,200	8	272,025		

Tabelle 6-6b

Aus den Spalten „Quadratsumme“ und „df“ werden nun die χ^2-Werte berechnet, zunächst aus Tabelle 6-6b für den Gruppierungsfaktor `Geschlecht`, danach aus Tabelle 6-6a für die Messwiederholungseffekte. Die Berechnung ist exakt dieselbe wie oben für R (siehe Ergebnisse 6-2).

Die Umrechnung der χ^2-Werte in F-Werte gemäß Iman & Davenport erübrigt sich hier, da diese nur für den Effekt `Zeit` vorgenommen werden kann, was bereits früher gezeigt wurde.

6. 4. 4 Ein Gruppierungs- und zwei Messwiederholungsfaktoren

Das oben beschriebene Verfahren wird nun auf einen 3-faktoriellen Versuchsplan mit zwei Messwiederholungsfaktoren angewandt. Dazu wird der Beispieldatensatz 5 (`mydata5`) benutzt. Auch wieder zunächst das relative einfache klassische Verfahren auf Basis der Wilcoxon-Ränge, danach das aufwändigere KWF-Verfahren. An dieser Stelle der Hinweis, wonach Letzteres (bei doppelter Messwiederholung) zu leicht konservativen Ergebnissen führen kann.

mit R:

Für das klassische Verfahren wird die elementare Berechnung gezeigt. Dazu wird der Dataframe `mydata5t` benutzt (vgl. auch Kapitel 5.4.3), die abhängige Variable `Fehler` in Ränge `RFehler` transformiert and damit eine parametrische Varianzanalyse mittels `ezANOVA` durchgeführt.

```
mydata5t<-within(mydata5t,RFehler<-rank(Fehler))
ezANOVA(mydata5t, RFehler, Vpn, within=.(Medikament,Aufgabe),
        between=Geschlecht, detailed=T)->ano
```

```
                      Effect DFn DFd        SSn      SSd           F
                 (Intercept)  1   6 95922.0000 3848.542 149.5454772
                  Geschlecht  1   6  3741.1250 3848.542   5.8325340
                  Medikament  2  12  5419.0833 1574.500  20.6506828
                     Aufgabe  2  12  8037.7500 2513.000  19.1908078
       Geschlecht:Medikament  2  12   159.2500 1574.500   0.6068593
          Geschlecht:Aufgabe  2  12   523.5833 2513.000   1.2500995
          Medikament:Aufgabe  4  24  1099.6667 2585.333   2.5520887
Geschlecht:Medikament:Aufgabe  4  24   189.1667 2585.333   0.4390150
```

Die für die Berechnung der χ^2-Werte erforderlichen Streuungsquadratsummen sind aus dieser Tabelle zu entnehmen: Die Spalten `SSn` enthalten die SS_{Effekt} , die Spalten `SSd` die SS_{Fehler} und natürlich `DFn` und `DFd` die dazugehörigen Freiheitsgrade. Die χ^2-Werte werden daraus „mit der Hand“ ausgerechnet (zu deren Aufbau vgl. den Anfang von Kapitel 6.4):

$$MS_{zwischen} = \frac{3741 + 3848,5}{1+6} = 1084,2$$

$$\chi^2_{Geschlecht} = \frac{3741}{1084,2} = 3,45$$

$$MS_{innerhalb(Medikamente))} = \frac{5419,06 + 159,2 + 1574,5}{2+2+12} = 447,0$$

$$\chi^2_{Medikamente} = \frac{5419,06}{447,0} = 12,12$$

$$\chi^2_{Medikamente \times Geschlecht} = \frac{159,2}{447,0} = 0,36$$

$$MS_{innerhalb(Aufgabe)} = \frac{8037,75 + 523,6 + 2513}{2+2+12} = 692,1$$

$$\chi^2_{Aufgabe} = \frac{8037,75}{692,1} = 11,62$$

$$\chi^2_{Aufgabe \times Geschlecht} = \frac{523,6}{692,1} = 0,755$$

$$MS_{innerhalb(Interaktion)} = \frac{1099,7 + 189,17 + 2585,3}{4+4+24} = 121,06$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{1099,7}{121,06} = 9,08$$

$$\chi^2_{Interaktion \times Geschlecht} = \frac{189,17}{121,06} = 1,56$$

Ergebnisse 6-3

Die für die Tests erforderlichen Freiheitsgrade enstsprechen den Zählerfreiheitsgraden der parametrischen Varianzanalyse. Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1), bei 6,0 bzw. 9,2 (df=2) sowie bei 9,5 bzw. 13,3 (df=4). Somit sind lediglich die Effekte `Medikamente` sowie `Aufgabe` signifikant.

Die Durchführung der Analyse auf Basis der KWF-Rangtransformation wird wieder mit der o.a. Funktion `np.anova` gezeigt. Die elementare Berechnung ist zum einen aus dem vorigen Abschnitt ersichtlich, zum anderen die Bildung der χ^2-Werte aus der Lösung mit SPSS.

In Kapitel 5.1.2 wurde der umstrukturierte Dataframe `mydata5t` aus `mydata5` gebildet. Dieser wird hier verwendet. Weitere vorbereitende Maßnahmen sind nicht erforderlich.

```
np.anova(Fehler~Geschlecht*Medikament*Aufgabe+
                Error(Vpn/(Medikament*Aufgabe)),mydata5t)
```

mit folgender Ausgabe (ohne die Ergebnisse des Iman & Davenport-Tests):

```
generalized Kruskal-Wallis/Friedman (Puri & Sen) tests
                                     Df  Sum Sq   Chisq Pr(>Chi)
Geschlecht                            1  5832.0  1.3494  0.24538
Residuals Btw.Vpn                     6 24421.5
Medikament                            2   111.1 12.7536  0.0017
Geschl:Medikament                     2     0.9  0.1029  0.94987
Residuals Medikament                 12    27.4
Aufgabe                               2   150.6 11.1889  0.00372
Geschlecht:Aufgabe                    2     2.6  0.1920  0.90849
Residuals Geschl:Aufgabe             12    62.2
Medikament:Aufgabe                    4    26.4 11.5273  0.02124
Geschlecht:Medikament:Aufgabe         4     1.7  0.7455  0.94561
Residuals Geschl:Medikament:Aufgabe  24    45.2
```

mit SPSS:

Zunächst das relativ einfache klassische Verfahren auf Basis der Wilcoxon-Ränge. Nach Transformation der abhängigen Variablen `Fehler` in Ränge `RFehler` wird damit eine parametrische Varianzanalyse durchgeführt.

```
Varstocases
/Id=Vpn
/Make Fehler from v1 to v9
/index=Medikament(3) Aufgabe(3)
/keep=Geschlecht
/null=keep.

Aggregate
/outfile=* mode=addvariables
/break= /nc=NU(Fehler).

Rank Variables=Fehler / rank into RFehler.
Sort cases by Vpn Medikament Aufgabe.

casestovars
/Id=Vpn
/index=Medikament Aufgabe
/groupby=variable.

GLM RFehler.1.1 RFehler.1.2 RFehler.1.3  RFehler.2.1 RFehler.2.2
    RFehler.2.3 RFehler.3.1 RFehler.3.2 RFehler.3.3 by Geschlecht
/WSfactor=Medikament 3 Polynomial Aufgabe 3 Polynomial
/WSdesign=Medikament Aufgabe Medikament*Aufgabe
/design=Geschlecht.
```

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	5419,083	2	2709,542	20,651	,000
Medikament * Geschlecht	Sphärizität angen.	159,250	2	79,625	,607	,561
Fehler(Medikament)	Sphärizität angen.	1574,500	12	131,208		
Aufgabe	Sphärizität angen.	8037,750	2	4018,875	19,191	,000
Aufgabe * Geschlecht	Sphärizität angen.	523,583	2	261,792	1,250	,321
Fehler(Aufgabe)	Sphärizität angen.	2513,000	12	209,417		
Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	1099,667	4	274,917	2,552	,065
Medik * Aufg * Geschl	Sphärizität angen.	189,167	4	47,292	,439	,779
Fehler (Medik*Aufg	Sphärizität angen.	2585,333	24	107,722		

Da hier anstatt des F-Tests der χ^2-Test benutzt wird, spielt die Sphäriztät keine Rolle, so dass die Ergebnisse aus der entsprechenden Zeile zu entnehmen sind, während die übrigen in o.a. Tabelle weggelassen wurden. Aus den Spalten „Quadratsumme“ und „df“ werden nun die χ^2-Werte berechnet. Die Berechnung ist exakt dieselbe wie oben für R (siehe Ergebnisse 6-3).

Nun um das etwas aufwändigeren KWF-Verfahren. Die Kommandos zur Ermittlung der Ränge `RSum` sind ähnlich wie die im vorigen Kapitel:

```
compute sum=sum(v1 to v9).
rank variables=Sum (A)
  /rank into RSum.
```

Nun die Kommandos zur Umstrukturierung, um damit anschließend die Friedman-Ränge `RFehler` zu berechnen, sowie die Wiederherstellung der ursprünglichen Datenstruktur mit denselben Kommandos wie in Kapitel 5.4.3:

```
Varstocases
/Id=Vpn
/make Fehler from v1 v2 v3 v4 v5 v6 v7 v8 v9
/index=Medikament(3) Aufgabe(3)
/keep=Geschlecht RSum
/null=keep.

Rank variables=Fehler (A) by Vpn
/rank into RFehler.
compute Ry=(RSum-1)*9 + RFehler.

Sort cases by Vpn Medikament Aufgabe.

Casestovars
/Id=Vpn
/index=Medikament Aufgabe
/groupby=variable.
```

Schließlich die eigentliche Varianzanalyse:

```
GLM Ry.1.1 Ry.1.2 Ry.1.3 Ry.2.1 Ry.2.2 Ry.2.3 Ry.3.1 Ry.3.2 Ry.3.3
    by Geschlecht
  /WSfactor=Medikament 3 Polynomial Aufgabe 3 Polynomial
  /WSdesign=Medikament Aufgabe Medikament*Aufgabe
  /design=Geschlecht.
```

Nachfolgend die Ergebnisse der Varianzanalyse, zunächst die Effekte des Messwiederholungsfaktors (Innersubjekteffekte), danach der Effekt des Gruppierungsfaktors (Zwischensubjekteffekte). Da eine Prüfung der Sphärizität hier entfällt, interessieren in der Anova-Tabelle nur die Zeilen mit den unkorrigierten F-Tests.

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	111,063	2	55,531	24,342	,000
Medikament * Geschlecht	Sphärizität angen.	,896	2	,448	,196	,824
Fehler(Medikament)	Sphärizität angen.	27,375	12	2,281		
Aufgabe	Sphärizität angen.	150,583	2	75,292	14,534	,001
Aufgabe * Geschlecht	Sphärizität angen.	2,583	2	1,292	,249	,783
Fehler(Aufgabe)	Sphärizität angen.	62,167	12	5,181		

Medikament * Aufgabe	Sphärizität angen.	26,417	4	6,604	3,506	,022
Medikam* Aufgabe* Geschl	Sphärizität angen.	1,708	4	,427	,227	,921
Fehler(Medikament*Aufgabe)	Sphärizität angen.	45,208	24	1,884		

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	95922,000	1	95922,000	23,567	,003
Geschlecht	5832,000	1	5832,000	1,433	,276
Fehler	24421,500	6	4070,250		

Die Berechnung der χ^2-Werte (vgl. dazu deren Aufbau am Anfang von Kapitel 6.4):

$$MS_{zwischen} = \frac{5832 + 24421,5}{1 + 6} = 4321,93$$

$$\chi^2_{Geschlecht} = \frac{24421,5}{4321,93} = 1,35$$

$$MS_{innerhalb(Medikamente))} = \frac{111,06 + 0,9 + 27,38}{2 + 2 + 12} = 8,709$$

$$\chi^2_{Medikamente} = \frac{111,06}{8,709} = 12,75$$

$$\chi^2_{Medikamente \times Geschlecht} = \frac{0,9}{8,709} = 0,10$$

$$MS_{innerhalb(Aufgabe)} = \frac{150,58 + 2,58 + 62,17}{2 + 2 + 12} = 13,458$$

$$\chi^2_{Aufgabe} = \frac{150,58}{13,458} = 11,19$$

$$\chi^2_{Aufgabe \times Geschlecht} = \frac{2,58}{13,458} = 0,19$$

$$MS_{innerhalb(Interaktion)} = \frac{26,42 + 1,71 + 45,21}{4 + 4 + 24} = 2,292$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{26,42}{2,292} = 11,53$$

$$\chi^2_{Interaktion \times Geschlecht} = \frac{1,71}{2,292} = 0,75$$

Ergebnisse 6-4

Die für die Signifikanzprüfung erforderlichen Freiheitsgrade sind der o.a. parametrischen Varianzanalyse zu entnehmen, also df=1 für den Gruppeneffekt bzw. df=2 für die einfachen Messwiederholungseffekte bzw. df=4 für die Messwiederholungsinteraktion. Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1), bei 6,0 bzw. 9,2 (df=2) sowie bei 9,5 bzw. 13,3 (df=4). Somit sind die Effekte „Medikamente“, „Aufgabe“ sowie die Interaktion stark signifikant.

6. 4. 5 Zwei Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktoren

Das oben beschriebene Verfahren wird nun auf einen 3-faktoriellen Versuchsplan mit zwei Gruppierungsfaktoren angewandt. Dazu wird der Beispieldatensatz 6 (`winer568`) benutzt.

mit R:

Hier soll die Durchführung der Analyse lediglich wieder mit der o.a. Funktion `np.anova` gezeigt werden. Die elementare Berechnung ist zum einen aus dem Kapitel 6.4.3 ersichtlich, zum anderen die Bildung der χ^2-Werte aus der Lösung mit SPSS. Ausgangsbasis ist der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer568t`. Zunächst wird die Varianzanalyse nach Puri & Sen mittels der Funktion `np.anova` durchgeführt:

```
np.anova(x ~ A*B*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer568t, method=2)
```

```
Puri & Sen tests
                    Df Sum Sq   Chisq Pr(>Chi) Pr(>F)
A                    1  173.3  1.3990  0.23690
B                    1  207.1  1.6713  0.19608
A:B                  1   12.0  0.0968  0.75565
Residuals Btw.Vpn    8  554.1
Zeit                 3 6637.2 30.8130  0.00000
A:Zeit               3  728.4  3.3814  0.33648
B:Zeit               3  136.0  0.6315  0.88919
A:B:Zeit             3   27.4  0.1271  0.98840
Residuals Zeit      24  225.5
```

Und nach dem KWF-Verfahren, ebenfalls mittels der Funktion `np.anova` :

```
np.anova(x ~ A*B*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer568t, method=0)
```

```
generalized Kruskal-Wallis/Friedman (Puri & Sen) tests including Iman
& Davenport F-tests
                    Df  Sum Sq    Chisq Pr(>Chi)  F value    Pr(>F)
A                    1 1200.00   1.4680  0.22567
B                    1 4800.00   5.8719  0.01538
A:B                  1   48.00   0.0587  0.80853
Residuals Btw.Vpn    8 2944.00
Zeit                 3   52.13  32.6348  0.00000 106.6744 5.185e-14
A:Zeit               3    2.63   1.6435  0.64957   0.5262    0.6685
B:Zeit               3    0.79   0.4957  0.91985   0.1536    0.9264
A:B:Zeit             3    0.29   0.1826  0.98035   0.0561    0.9821
Residuals Zeit      24    1.67
```

Die Ergebnisse unterscheiden sich offensichtlich nicht qualitativ.

mit SPSS:

Für die Durchführung der Analyse wird hier auf das Kapitel 6.7.2 verwiesen. Dort wird für diesen Versuchsplan das Verfahren von van der Waerden gezeigt, das hinsichtlich des Prozederes mit dem von Puri & Sen weitgehend identisch ist. Bei den Rechenvorgängen ist lediglich zu beachten, dass die Transformation in normal scores entfällt und die kombinierten Ränge sich über

```
compute Ry=(Rsum-1)*4 + Rscore.
```

errechnen. Die Bildung der χ^2-Werte erfolgt bei deiden Verfahren nach demselben Prinzip.

6. 5 Aligned rank transform (ART und ART+INT)

Das Prinzip des Aligned rank transform-Tests wurde oben bereits erläutert (vgl. Kapitel 4.3.6 und 5.4.4). Würde man jedoch dasselbe Verfahren auf ein gemischtes Design anwenden, so erhielte man „merkwürdige“ Signifikanzen. Der Grund: der Effekt des Gruppierungsfaktors α_i lässt sich nicht vom Personeneffekt π_m trennen. Daher muss hier ein anderer Weg eingeschlagen werden (vgl. dazu Beasley, 2002). Da es letztlich nur um einen „sauberen“ Test für die Interaktion geht, genügt es, nur für diesen das ART-Verfahren anzuwenden. Die Haupteffekte werden über die o.a. Rank transform Tests (Kapitel 6.3) ermittelt. Aber der Aufwand zur Überprüfung der Interaktion lohnt auch nur dann, wenn der RT hierfür eine Signifikanz ergab, da letztlich mit dem ART nur der liberalere RT abgesichert wird.

Auf Folgendes sei noch aufmerksam gemacht: Beasley (2002) hat zwar auf die Vorzüge des ART im Fall von gemischten Modellen auch bei nichtsphärischen Kovarianzamatrizen und nichtnormalen Daten hingewiesen, dennoch haben Kowalchuk et al. (2003) gezeigt, dass dies nicht mehr gilt, wenn die Kovarianzamatrizen nicht mehr gleich (homogen) sind. Allerdings empfiehlt sich nicht, hier den Box-Test durchzuführen, um diese Voraussetzung zu überprüfen, da der Box-Test selbst sehr viel mehr voraussetzt, so u.a. multivariate Normalverteilung, so dass der Test in diesem Zusammenhang letztlich unbrauchbar wird. Prinzipiell ist man auf der sichereren Seite, wenn man in jedem Fall die Huynh & Feldt-korrigierten Signifikanzen wählt.

Es wird hier an die Ausführungen in Kapitel 2.5 sowie an die Bemerkungen in Kapitel 5.4.4 erinnert, wonach empfohlen wird, nach der Berechnung der Ränge diese noch in normal score (vgl. Kapitel 2.3) umzurechnen.

Hier ist es erforderlich, den einfachen Fall der 2-faktoriellen Analyse und die beiden Fälle der 3-faktoriellen Analyse getrennt zu behandeln. Hieraus lassen sich dann auch Lösungen für höher-faktorielle Versuchspläne ableiten.

6. 5. 1 Ein Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Die Schritte im Einzelnen:

- Durchführung einer (normalen) Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten für die Ränge Rx der Kriteriumsvariablen x. Hieraus werden nur die Haupteffekte verwendet.
- per *naive approach* (vgl. Formel 2-4): Eliminieren des Hauptffekts γ_j der Messwiederholungen sowie des Personeneffekts π_m aus der Kriteriumsvariablen x:

  $$e_{jm} = x_{jm} - (\overline{p_m} + \overline{c_l} - \bar{x})$$

  alternativ per *standard approach* (vgl. Formel 2-5): Berechnung der Residuen e_{jm} wie in Kapitel 6.2, anschließend Addition des „reinen“ Interaktionseffekts:

  $$e_{jm} = e_{jm} + \overline{ac}_{ij} - (\overline{p_m} + \bar{c}_j - \bar{x})$$

  wobei $\overline{c_l}, \overline{ac}_{il}$ die Mittelwerte von C bzw. AC und $\bar{p}_m, \bar{x}$ die Personenmittelwerte bzw. das Gesamtmittel sind.
- Umrechnung der so errechneten Residuen e_{jm} in Ränge.
- Durchführung einer Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten mit den Rängen, aus der dann der Interaktionsffekt abgelesen werden kann.

Als Beispiel soll nachfolgend wieder der bereits verwendete Datensatz 4 (`winer518`) dienen.

mit R:

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. In Kapitel 6.3 wurde der Rank transform Test durchgeführt, aus dem die Haupteffekte abzulesen sind (Tabelle 6-3).

Für die Berechnung der Residuen e_{jm} wird hier der o.a. „naive approach“ gewählt. Dazu müssen zunächst die Effekte γ_j (mb) und π_m (mp) sowie der Gesamtmittelwert (mm) berechnet werden, um sie von der Kriteriumsvariablen `score` abzuziehen. Diese werden dann nach Rundung auf 6 Stellen in Ränge transformiert, um darauf die Varianzanalyse anzuwenden.

```
attach(winer518t)
mb   <- tapply(score,Zeit,mean)
mp   <- tapply(score,Vpn,mean)
mm   <- mean(score)
ek   <- score
n    <- dim(winer518t)[1]
for (k in 1:n) {j=Zeit[k]; i=Vpn[k]
   ek[k] <- ek[k]-mb[j]-mp[i]+mm }
ek   <- rank(round(ek,digits=6))
summary(aov(ek~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t))
```

Die Anova-Tabelle zeigt einen signifikanten Interaktionseffekt, während die anderen beiden Haupteffekte keine Bedeutung haben:

```
Error: Vpn
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Geschlecht  1  2.133  2.1333   2.265  0.171
Residuals   8  7.533  0.9417

Error: Vpn:Zeit
               Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Zeit            2    0.2     0.1   0.002    0.998
Geschlecht:Zeit  2 1550.9   775.4  18.132 7.72e-05 ***
Residuals       16  684.3    42.8
```

Alternativ kann auch die Funktion `art3.anova` (vgl. Anhang 3.9) angewandt werden. Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Basis ist auch hierfür der umstrukturierte Datensatz (`winer518t`). Eingabe und Ausgabe:

```
art3.anova(score~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit), winer518t)
```

```
               Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Geschlecht      1   53.33   53.33  0.6079     0.458
Zeit            2  698.60  349.30 22.3582 2.325e-05 ***
Geschlecht:Zeit  2 1550.87  775.43 18.1317 7.716e-05 ***
```

Der Unterschied für das Ergebnis der Haupteffekte im Vergleich zur vorigen Tabelle liegt darin begründet, dass bei der Funktion `art3.anova` für die Haupteffekte die Ergebnisse aus der Analyse mit dem RT-Verfahren eingesetzt werden.

Zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens müssen die Ränge `ek` in normal scores `nsek` transformiert werden, wozu vor der Varianzanalyse noch einzufügen ist:

```
nsek<-qnorm(ek/(n+1))
```

mit folgender Ausgabe:

```
Error: Vpn
          Df  Sum Sq  Mean Sq F value Pr(>F)
Geschlecht  1 0.00004 0.000044   0.005  0.948
Residuals   8 0.07763 0.009703

Error: Vpn:Zeit
               Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Zeit            2  0.007   0.003   0.006 0.993613
Geschlecht:Zeit  2 16.044   8.022  15.609 0.000174 ***
Residuals       16  8.223   0.514
```

mit SPSS:

Wie bei der Durchführung der Rank transform-Tests muss zunächst der Datensatz umstrukturiert werden, wobei die Messwiederholungen in Fälle gewandelt werden. Dies wurde bereits in Kapiteln 5.3.3 sowie 6.3 durchgeführt. Für die Berechnung der Residuen e_{jm} wird hier der o.a. „naive approach“ gewählt.

Über `Aggregate` werden nun die Mittelwerte für Personen (mp), Zeit (mb) und gesamt (mm) berechnet und in der Arbeitsdatei ergänzt, um die Effekte von den Werten der Kriteriumsvariablen `score` abzuziehen und das Ergebnis in Ränge umzurechnen:

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.

Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Vpn    /mp=mean(score).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Zeit  /mb=mean(score).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=      /mm=mean(score).

Compute ek = score - (mp + mb - mm).

Rank variables=ek (A)  /rank into rek.
execute.
```

Anschließend wird der Datensatz wieder in die ursprüngliche Form transformiert:

```
Sort cases by Vpn Zeit.
Casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Zeit
  /groupby=variable.
```

Schließlich wird dann für `rek` , die im umstrukturierten Datensatz die Namen `rek.1, rek.2, .` . hat, eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen mit den Faktoren `Geschlecht`

und `Zeit` gerechnet:

```
GLM rek.1 rek.2 rek.3 by Geschlecht
  /wsfactor=Zeit 3 Polynomial
  /wsdesign=Zeit
  /design=Geschlecht.
```

Nachfolgend die Anova-Tabelle der Variablen `rek.1 ..` für den bereinigten Test der Interaktion, wobei nur die Zeilen „Spherizität angenommen“ relevant sind. Demnach ist die Signifikanz der Interaktion gesichert.

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	,200	2	,100	,002	,998
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angen.	1550,867	2	775,433	18,132	,000
Fehler(Zeit)	Sphärizität angen.	684,267	16	42,767		

Zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens müssen die nach dem ART-Verfahren errechneten Ränge in normal scores (vgl. Kapitel 2.3) transformiert werden. Dazu ist *vor* der Rücktransformation der Datenmatrix noch die Ermittlung des N (`nc`) sowie die Transformation mittels der inversen Normalverteilung erforderlich, hier allerdings nur für die Prüfung der Interaktion vorgestellt:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(score).
Compute nsek=Idf.normal(rek/(nc+1),0,1).
execute.
```

Nach der Rückwandlung in das „normale“ Datenformat resultieren daraus die normal scores `nsek.1, nsek.2, nsek.3` und bringen folgende Ergebnistabelle (nur für die Interaktion):

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	,007	2	,003	,006	,994
	Huynh-Feldt	,007	2,000	,003	,006	,994
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angenommen	16,044	2	8,022	15,609	,000
	Huynh-Feldt	16,044	2,000	8,022	15,609	,000
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	8,223	16	,514		
	Huynh-Feldt	8,223	16,000	,514		

6. 5. 2 Ein Gruppierungs- und zwei Messwiederholungsfaktoren

Der Gruppierungsfaktor wird mit A, die beiden Messwiederholungsfaktoren mit C und D bezeichnet. Die Schritte im Einzelnen:

- Durchführung einer (normalen) Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten für die Ränge Rx der Kriteriumsvariablen x (vgl. Kapitel 5.4.2). Hieraus werden nur die Haupteffekte verwendet. Für die Haupteffekte der Messwiederholungsfaktoren C und D können allerdings auch die bereinigten Tests wie in Kapitel 5.4.4 errechnet werden.
- Die Interaktion C*D, ein reiner Messwiederholungseffekt, wird mit der ART wie in Kapitel 5.4.4 ermittelt, wobei Faktor A außer Acht gelassen wird.

- Für die Interaktion A*C, ein gemischter Interaktionseffekt, werden die Werte der Kriteriumsvariablen x über die Stufen von Faktor D gemittelt (oder summiert), um mit diesen Werten die ART wie im vorhergehenden Kapitel 6.5.1 durchzuführen.
- Für die Interaktion A*D ist das Verfahren analog der Interaktion A*C durchzuführen.

Ein bereinigter Test für die 3er Interaktion A*C*D ist kein entsprechendes Verfahren bekannt.

Als Beispiel soll nachfolgend der bereits verwendete Datensatz 5 dienen:

- Die Haupteffekte `Medikament` und `Aufgabe` wurden bereits mit dem Rank transform-Test in Kapitel 5.4.2 ermittelt. Dort ist es kein Problem, auch den Faktor `Geschlecht` miteinzubeziehen.
- Der Interaktionseffekt `Medikament*Aufgabe` wurde in Kapitel 5.4.4 ermittelt.
- Bleiben noch die Interaktionen `Geschlecht*Medikament` und `Geschlecht*Aufgabe`, von denen nur die erste hier behandelt wird, da das Verfahren für beide identisch ist.

mit R:

Ausgangsbasis ist der in Kapitel 5.1.2 erstellte und in 5.4.4 verwendete Dataframe `mydata5t` . Zunächst werden mittels `aggregate` die Summen von `Fehler` über die 3 Aufgabenstufen berechnet. Dabei entsteht ein neuer Dataframe (`mydata5s`) mit den Mittelwerten als Variable `x`.

```
   Vpn Geschlecht Medikament         x
1    1          1          1 2.3333333
2    2          1          1 0.6666667
3    3          1          1 4.0000000
4    4          1          1 3.3333333
5    5          2          1 1.6666667
6    6          2          1 1.6666667
7    7          2          1 2.0000000
8    8          2          1 1.3333333
9    1          1          2 3.3333333
10   2          1          2 2.3333333
..  ..         ..          ...........
```

Für die Berechnung der Residuen e_{jm} (vgl. vorigen Abschnitt) müssen zunächst die Effekte γ_j (mb) und π_m (mp) sowie der Gesamtmittelwert (mm) berechnet werden, um diese von der Kriteriumsvariablen `x` abzuziehen. Diese werden dann nach Rundung auf 6 Stellen in Ränge transformiert, um darauf die Varianzanalyse anzuwenden. Hierfür wird diesmal wieder `ezANOVA` verwendet, wobei zu beachten ist, dass alle verwendeten Variablen Teil des angegebenen Dataframes sein müssen. D.h. in diesem Fall muss die neu erzeugte Variable `ez` mit `cbind` angehängt werden.

```
library(ez)
mydata5s <- aggregate(mydata5t$Fehler,
              mydata5t[,c("Vpn","Geschlecht","Medikament")], mean)
attach(mydata5s)
mb   <- tapply(x,Medikament,mean)
mp   <- tapply(x,Vpn,mean)
mm   <- mean(x)
ek   <- x
n    <- dim(mydata5s)[1]
for (k in 1:n) {j=Medikament[k]; i=Vpn[k]
   ek[k] <- ek[k]-mb[j]-mp[i]+mm }
```

```
ek   <- rank(round(ek,digits=6))
ezANOVA(cbind(mydata5s,ek),ek,Vpn,
        within=.(Medikament),between=.(Geschlecht))$ANOVA
```

Das Ergebnis für die Interaktion ist nicht signifikant. Hätte man sich diese Interaktion beim Rank transform-Test (RT) angeschaut, hätte man sich die Durchführung des ART hierfür sparen können.

```
                  Effect DFn DFd          F         p p<.05
2            Geschlecht   1   6 0.14555256 0.7159674
3            Medikament   2  12 0.04571522 0.9554795
4 Geschlecht:Medikament   2  12 0.62084221 0.5538958
```

Zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens müssen die Ränge `ek` in normal scores `nsek` transformiert werden, wozu vor der Varianzanalyse noch einzufügen ist:

```
nsek<-qnorm(ek/(n+1))
```

mit folgender Ausgabe:

```
                  Effect DFn DFd          F         p p<.05
2            Geschlecht   1   6 0.53076731 0.4937263
3            Medikament   2  12 0.03085359 0.9696942
4 Geschlecht:Medikament   2  12 0.50722075 0.6145175
```

mit SPSS:

Wie bei der Durchführung der Rank transform-Tests muss zunächst der Datensatz umstrukturiert werden, wobei die Messwiederholungen in Fälle gewandelt werden. Dies wurde bereits in Kapitel 5.4.2 einmal durchgeführt und in 5.4.4 wieder verwendet. Zunächst werden mittels `aggregate` die Mittelwerte von `Fehler` über die 3 Aufgabenstufen berechnet. Die Syntax dafür sowie ein Ausschnitt der Ergebnismatrix (`mydata5s`):

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /make Fehler from v1 v2 v3 v4 v5 v6 v7 v8 v9
  /index=Medikament(3) Aufgabe(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.

Dataset Declare mydata5s.
Aggregate
  /outfile='mydata5s'
  /break=Vpn Geschlecht Medikament
  /MFehler=mean(Fehler).
```

	id	Geschlecht	Medikament	MFehler
1	1	1	1	2,33
2	1	1	2	3,33
3	1	1	3	4,00
4	2	1	1	,67
5	2	1	2	2,33
6	2	1	3	3,33
7	3	1	1	4,00
8	3	1	2	3,67
9	3	1	3	4,33
10	4	1	1	3,33

Über `Aggregate` werden nun die Mittelwerte für Personen (pi), Zeit (bj) und gesamt (mm) berechnet, um die Effekte von den Werten der Kriteriumsvariablen `MFehler` abzuziehen und das Ergebnis in Ränge umzurechnen. Die Anweisungen hierfür sind weitegehend identisch mit denen des vorigen Abschnitts. Lediglich `score` ist durch `MFehler` zu ersetzen.

Anschließend wird der Datensatz mit den Anweisungen wie im vorigen Abschnitt wieder in die ursprüngliche Form transformiert.

```
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Vpn    /pi=mean(MFehler).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Medikament  /bj=mean(MFehler).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=      /mm=mean(MFehler).

Compute ek = MFehler - (pi + bj - mm).
Rank variables=ek (A)  /rank into rek.
execute.

Sort cases by Vpn Medikament.
Casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Medikament
  /groupby=variable.
```

Schließlich wird dann für `rek` , die im umstrukturierten Datensatz die Namen `rek.1 rek.2,..`hat, eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen mit den Faktoren `Geschlecht` und `Medikament` gerechnet (Anweisungen siehe voriger Abschnitt). Nachfolgend die Anova-Tabelle für den bereinigten Test der Interaktion, wobei nur die Zeilen „Spherizität angenommen“ relevant sind. Demnach liegt für die Interaktion keine Signifikanz vor.

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadrat summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	7,750	2	3,875	,046	,955
Medikament * Geschlecht	Sphärizität angen.	110,583	2	55,292	,656	,537
Fehler(Medikament)	Sphärizität angen.	1012,167	12	84,347		

Zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens müssen die nach dem ART-Verfahren errechneten Ränge in normal scores (vgl. Kapitel 2.3) transformiert werden. Dazu ist *vor* der Rücktransformation der Datenmatrix in das „normale“ Format noch die Ermittlung des N (`nc`) sowie die Transformation mittels der inversen Normalverteilung erforderlich, hier allerdings nur für die Prüfung der Interaktion vorgestellt:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(MFehler).
Compute nsek=Idf.normal(rek/(nc+1),0,1).
execute.
```

mit folgenden Ergebnissen für die Interaktion:

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Medikament	Sphärizität angen.	,088	2	,044	,031	,970
	Huynh-Feldt	,088	1,357	,065	,031	,922
Medikament * Geschlecht	Sphärizität angen.	1,511	2	,756	,532	,600
	Huynh-Feldt	1,511	1,357	1,114	,532	,540
Fehler(Medikament)	Sphärizität angen.	17,032	12	1,419		
	Huynh-Feldt	17,032	8,140	2,092		

6. 5. 3 Zwei Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Die Gruppierungsfaktoren werden mit A und B, der Messwiederholungsfaktor mit C bezeichnet, die Effekte mit α_i , β_j bzw. γ_l . Die Schritte im Einzelnen:

- Durchführung einer (normalen) Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten für die Ränge Rx der Kriteriumsvariablen x (vgl. Kapitel 5.4.2). Hieraus werden nur die Haupteffekte verwendet.
- Für die Interaktion A*B, ein Effekt ohne Messwiederholungen, werden die Werte der kriteriumsvariablen x über die Stufen von Faktor C gemittelt (oder summiert), um mit diesen Werten die ART wie im Kapitel 4.3.6 durchzuführen.
- Für die Interaktionen A*C und B*C sind zunächst die Residuen e_m des kompletten Modells zu berechnen (vgl. Kapitel 6.2).
- Für die Interaktion A*C sind zu den Residuen zunächst der Interaktionseffekt zu addieren und danach der Messwiederholungseffekt γ_l sowie. der Personeneffekt π_m zu subtrahieren:

  $$e_m(a) = e_m + \overline{ac}_{il} - (\overline{p_m} + \bar{c}_l - \bar{x})$$

- Für die Interaktion B*C wird analog A*C vorgegangen.

  $$e_m(b) = e_m + \overline{bc}_{jl} - (\overline{p_m} + \bar{c}_l - \bar{x})$$

  wobei $\bar{c}_l$, $\overline{ac}_{il}$, $\overline{bc}_{jl}$ die Mittelwerte von C, AC bzw. BC und $\bar{p}_m$, $\bar{x}$ die Personenmittelwerte bzw. das Gesamtmittel sind.
- Umrechnung der so errechneten Residuen $e_m(a)$ sowie $e_m(b)$ in Ränge.
- Durchführung einer Anova mit Haupt- und Interaktionseffekten jeweils mit den Rängen R($e_m(a)$) bzw. R($e_m(b)$, aus der dann der jeweilige Interaktionsffekt abgelesen werden kann.

Ein bereinigter Test für die 3er Interaktion A*B*C liegt kein entsprechendes Verfahren vor.

Das Verfahren soll am Datensatz 6 (`winer568`) demonstriert werden. Die Anova-Tabelle der 3-faktoriellen Varianzanalyse für Rx, aus der die Haupteffekte A, B, und Zeit abzulesen sind:

```
    Effect DFn DFd           F         p p<.05       ges
2        A   1   8   3.3160388 0.1060896       0.22755888
3        B   1   8   8.1885856 0.0211004     * 0.42112020
5     Zeit   3  24 235.4228709 0.0000000     * 0.89487936
4      A:B   1   8   0.1732461 0.6881851       0.01515789
6   A:Zeit   3  24  25.8348420 0.0000001     * 0.48298681
7   B:Zeit   3  24   4.8246813 0.0090990     * 0.14854504
8 A:B:Zeit   3  24   0.9709958 0.4226642       0.03392018
```

Tabelle 6-7

D.h. die Haupteffekte B und Zeit sind signifikant, insbesondere aber auch die Interaktionen A*Zeit sowie B*Zeit, die nun mittels dem ART gesondert berechnet werden. Zur Demonstration soll allerdings auch die Interaktion A*B untersucht werden, wenn dies auch nicht erforderlich ist.

mit R:

Als Basis muss wieder der umstrukturierte Dataframe `winer568t` aus Kapitel 5.1.2 genommen werden. Damit werden für die Analyse der Interaktionen A*C und B*C die Residuen (`ek`) des Modells A*B*C+Vpn ermittelt:

```
em        <- aov(x~A*B*Zeit+Vpn,winer568t)$residuals
```

Anschließend werden die Effekte für die beiden untersuchten Interaktionen (`mac` bzw. `mbc`), die Zeit (`mc`) sowie den Personeneffekt `mv` ausgerechnet und gemäß o.a. Formel mit den Residuen `em` verrechnet, um schließlich für die bereinigten Werte für A*Zeit (`ema`) und B*Zeit (`emb`) eine Varianzanalyse durchzuführen:

```
attach(winer568t)
mc   <- tapply(x,Zeit,mean)
mv   <- tapply(x,Vpn,mean)
mac  <- tapply(x,winer568t[,c("A","Zeit")],mean)
mbc  <- tapply(x,winer568t[,c("B","Zeit")],mean)
mm   <- mean(x)
n    <- dim(winer568t)[1]
ema  <- em
emb  <- em
for (m in 1:n) {ia=A[m]; ib=B[m]; ic=Zeit[m]; vm=Vpn[m]
  ema[m] <- ema[m] + mac[ia,ic] - mc[ic] -mv[vm] + mm
  emb[m] <- emb[m] + mbc[ib,ic] - mc[ic] -mv[vm] + mm }
rema<-rank(round(ema,digits=7))
remb<-rank(round(emb,digits=7))
library(ez)
ezANOVA(cbind(winer568t,rema),rema,Vpn,
        between=.(A,B),within=.(Zeit))
ezANOVA(cbind(winer568t,remb),remb,Vpn,
        between=.(A,B),within=.(Zeit))
```

Bei der Varianzanalyse für `rema` (bereinigte Interaktion A*Zeit) zeigt der Mauchly-Test auf Varianzhomogenität mit p=0,029 eine signifikante Abweichung an. Aber unabhängig davon ist vorsichtshalber in der Anova-Ausgabe die Signifikanz im Teil `Sphericity Corrections` und dort unter „p[HF]“ (Huynh-Feldt-korrigiert) abzulesen, allerdings *ausschließlich* für die Interaktion A*Zeit (auf die Tabelle für `ekb` wird hier verzichtet). Der p-Wert (0,00006) bestätigt den oben mit dem RT-Test errechneten Einfluss von A*Zeit:

```
$`Sphericity Corrections`
    Effect       GGe        p[GG]       HFe        p[HF]
5     Zeit 0.4925664 0.9606032485 0.5774698 0.9751581
6   A:Zeit 0.4925664 0.0001875066 0.5774698 0.0000645
7   B:Zeit 0.4925664 0.7383084419 0.5774698 0.7730265
8 A:B:Zeit 0.4925664 0.8874259252 0.5774698 0.9150948
```

Nun zur Interaktion A*B.

- Zunächst werden mittels `aggregate` die Summen von `V1,.,V4` über die 4 Zeitstufen berechnet. Dabei entsteht ein neuer Dataframe (`winer568s`) mit den Mittelwerten als Variable `x`.
- Wie in Kapitel 4.3.6 werden die Effekte mab (Interaktion), ma (Faktor A) sowie mb (Faktor B) errechnet.
- Ermittlung der Residuen em der Varianzanalyse des Modells A*B,
- Addition bzw. Subtraktion der vorher errechneten Effekte von em,
- Durchführung der Varianzanalyse für em zur Kontrolle des Effekts A*B:

```
winer568s <- aggregate(winer568t$x, winer568t[,c("Vpn","A","B")], mean)
attach(winer568s)
ma   <- tapply(x,A,mean)
mb   <- tapply(x,B,mean)
mab  <- tapply(x,list(A,B),mean)
mm   <- mean(x)
em   <- aov(x~A*B,winer568s)$residuals
n    <- dim(winer568s)[1]
for (m in 1:n) {ia=A[m]; ib=B[m]
  em[m] <- em[m] + mab[ia,ib] - ma[ia] - mb[ib] + mm }
rem  <- rank(em)
summary(aov(rem~A*B,winer568s))
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
A            1   2.08   2.083   0.122  0.736
B            1   0.33   0.333   0.020  0.892
A:B          1   0.75   0.750   0.044  0.839
Residuals    8 136.33  17.042
```

Alternativ ist auch hier - wie bereits in Kapitel 6.5.1 - das ART-Verfahren mit der Funktion `art3.anova` (vgl. Anhang 3.9) bequem durchführbar. Basis ist auch hier der umstrukturierte Datensatz `winer568t`. Nachfolgend Eingabe und Ausgabe:

```
art3.anova(x~A*B*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer568t)
```

```
          Df Sum of Sq  F value    Pr(>F)
A          1      18.8   3.2609  0.108588
B          1      75.0  13.0435  0.006866 **
A:B        1       0.7   0.0440  0.839079
Zeit       3    6637.2 235.4229 < 2.2e-16 ***
A:Zeit     3    3528.8  22.7165 3.421e-07 ***
B:Zeit     3    1764.9   6.8443  0.001714 **
```

Auch hier müssen wieder zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens im ersten Teil die Ränge `rema` und `remb` sowie im zweiten Teil die Ränge `rem` in normal scores `nsema` und `nsemb` bzw. `nsem` transformiert werden, wozu vor den Varianzanalysen noch jeweils einzufügen ist:

```
nsema<-qnorm(rema/(n+1))
nsemb<-qnorm(remb/(n+1))
```

bzw.

```
nsem<-qnorm(rem/(n+1))
```

Auf die Ausgabe wird hier verzichtet und auf die nachfolgenden SPSS-Ergebnisse verwiesen.

Alternativ kann die Analyse auf Basis des ART+INT-Verfahrens für alle Effekte auch bequem mittels der Funktion `art3.anova` durchgeführt werden:

```
art3.anova(x~A*B*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer568t,INT=T,main=T)
```

```
          Df Sum of Sq  F value    Pr(>F)
A          1       1.0   1.5901  0.242840
B          1       2.3   5.4003  0.048626 *
A:B        1       0.1   0.0793  0.785435
Zeit       3    6637.2 235.4229 < 2.2e-16 ***
A:Zeit     3      17.0  25.3226 1.303e-07 ***
B:Zeit     3       8.7   7.7526  0.000864 ***
```

mit SPSS:

Zunächst muss wieder der Datensatz aus Beispiel 6 (`winer568`) wie in Kapitel 6.2 umstrukturiert werden, wobei `Vpn` die Vpn-Kennzeichnung ist. Anschließend werden für die Analyse der Interaktionen A*C und B*C die Residuen (Variable `Res_1`) des Modells (ohne Messwiederholungen) A*B*C+Vpn ermittelt:

```
Varstocases
  /id=Vpn
  /make score from v1 v2 v3 v4
  /index=Zeit(4)
  /keep=A B
  /null=keep.

Unianova x by Vpn A B Zeit
  /Save=resid
  /design=A*B*Zeit Vpn.
```

Anschließend werden die Effekte für die beiden untersuchten Interaktionen (`mac` bzw. `mbc`) , die Zeit (`mc`) sowie den Personeneffekt `mv` ausgerechnet, der Arbeitsdatei angehängt und gemäß o.a. Formel mit den Residuen `em` verrechnet, um schließlich für `ema` und `emb` eine Varianzanalyse durchzuführen:

```
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Vpn   /mp=mean(score).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=Zeit  /mc=mean(score).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=A Zeit  /mac=mean(score).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=B Zeit  /mbc=mean(score).
Aggregate
  /outfile=* mode=addvariables
  /break=   /mm=mean(score).
Compute ema = res_1 + mac - (mp + mc - mm).
```

```
Compute emb = res_1 + mbc - (mp + mc - mm).
Rank variables=ema (A)  /rank into rema.
Rank variables=emb (A)  /rank into remb.
execute.
```

Nun wird wie Kapitel 6.3 der Datensatz in die ursprüngliche Form zurücktransformiert:

```
Casestovars
  /Id=Vpn
  /Index=Zeit
  /Groupby=variable.
```

Dabei werden aus den zu analysierenden Rängen von `eka` und `ekb` die Messwiederholungsvariablen `rema.1,.,rema.4` bzw. `remb.1,.,remb.4`. Bei der Varianzanalyse mit Messwiederholungen für `rema` zeigt der Mauchly-Test mit p=0,027 eine signifikante Abweichung von der Varianzhomogenität. Vorsichtshalber sollte in jedem Fall die Signifikanz des Effekts in der Zeile „Huynh-Feldt“ abgelesen werden. Allerdings kann aus der Tabelle *ausschließlich* der Effekt A*Zeit entnommen werden. Der p-Wert (< 0,001) bestätigt den oben mit dem RT-Test errechneten Einfluss von A*Zeit. (Auf die Ausgabe für `remb` wird hier verzichtet):

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	2,250	3	,750	,015	,998
	Huynh-Feldt	2,250	2,412	,933	,015	,993
Zeit * A	Sphärizität angen.	3552,083	3	1184,028	23,039	,000
	Huynh-Feldt	3552,083	2,412	1472,632	23,039	,000
Zeit * B	Sphärizität angen.	38,167	3	12,722	,248	,862
	Huynh-Feldt	38,167	2,412	15,823	,248	,821
Zeit * A * B	Sphärizität angen.	12,083	3	4,028	,078	,971
	Huynh-Feldt	12,083	2,412	5,010	,078	,950

Zur Anwendung des ART+INT-Verfahrens müssen die nach dem ART-Verfahren errechneten Ränge in normal scores (vgl. Kapitel 2.3) transformiert werden. Dazu ist *vor* der Rücktransformation der Datenmatrix in das „normale“ Format noch die Ermittlung des N (`nc`) sowie die Transformation mittels der inversen Normalverteilung erforderlich:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(score).
Compute nsema=Idf.normal(rema/(nc+1),0,1).
Compute nsemb=Idf.normal(remb/(nc+1),0,1).
execute.
```

mit folgenden Ergebnissen:

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	,018	3	,006	,028	,994
	Huynh-Feldt	,018	1,938	,010	,028	,970
Zeit * A	Sphärizität angenommen	17,131	3	5,710	25,584	,000
	Huynh-Feldt	17,131	1,938	8,838	25,584	,000

Zeit * B	Sphärizität angenommen	,011	3	,004	,016	,997
	Huynh-Feldt	,011	1,938	,006	,016	,982
Zeit * A * B	Sphärizität angenommen	,014	3	,005	,021	,996
	Huynh-Feldt	,014	1,938	,007	,021	,977

Nun zur Interaktion A*B. Ausgangsbasis ist die oben im ersten Schritt erzeugte umstrukturierte Arbeitsdatei. Zunächst werden mittels `aggregate` die Summen von `V1,.,V4` über die 4 Zeitstufen berechnet. Dabei muss eine neue Datei mit den Mittelwerten als Variable `mx` angelegt werden.

```
Dataset Declare winer568s.
Aggregate        /outfile='winer568s'
  /break=Vpn A B  /mx=MEAN(x).
```

Ermittlung der Residuen (Variable `Res_1`) der Varianzanalyse des Modells A*B:

```
Unianova mx by A B
  /Save=resid
  /design=A*B.
```

Wie in Kapitel 4.3.6 werden die Effekte mab (Interaktion), ma (Faktor A) sowie mb (Faktor B) errechnet. Anschließend Addition bzw. Subtraktion der vorher errechneten Effekte von `Res_1`:

```
Aggregate     /outfile=*   mode=addvariables
  /break=A B  /mab=mean(mx).
Aggregate     /outfile=*   mode=addvariables
  /break=A    /ma=mean(mx).
Aggregate     /outfile=*   mode=addvariables
  /break=B    /mb=mean(mx).
Aggregate     /outfile=*   mode=addvariables
  /break=     /mm=mean(mx).

Compute em = res_1 + mab - (ma + mb - mm).
Rank variables=ek (A)  /rank into rem.
execute.
```

Durchführung der Varianzanalyse für `em` zur Kontrolle des Effekts A*B, wonach die Interaktion A*B nicht signifikant ist.

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
A	2,083	1	2,083	,122	,736
B	,333	1	,333	,020	,892
A * B	,750	1	,750	,044	,839
Fehler	136,333	8	17,042		

Für die Durchführung des ART+INT-Verfahrens müssen die oben im letzten Schritt errechneten Ränge `rem` in normal scores transformiert werden:

```
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(mx).
Compute nsem=Idf.normal(rem/(nc+1),0,1).

Unianova nsem by A B
   /design=A B A*B.
```

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
A	,085	1	,085	,092	,769
B	,004	1	,004	,004	,950
A * B	,073	1	,073	,079	,785
Fehler	7,366	8	,921		

6. 6 normal scores-Tests (INT)

Bei dem *normal score*- bzw. *inverse normal transform-Verfahren* (INT) werden lediglich die Werte der abhängigen Variablen *x* über alle Messwiederholungen und Gruppen hinweg zunächst in Ränge R(*x*) gewandelt und anschließend in normal scores umgerechnet:

$$nscore_m = \Phi^{-1}(R(x_m)/(nJ+1))$$

wobei *J* die Anzahl der Messwiederholungen und *n* die Anzahl der Merkmalsträger ist, also *n*J* die Anzahl der Beobachtungen. Mit diesen scores wird dann eine „normale" parametrische Varianzanalyse gerechnet. Auch hier sollte man den Mauchly-Test durchführen, um die korrigierten F-Tests von Huynh & Feldt zu benutzen, falls die Sphärizität nicht gegeben ist. Dieses Verfahren soll wieder am Beispieldatensatz 4 demonstriert werden. Die Ergebnisse zeigen, dass dieses Verfahren „besser" abschneidet als das einfachere Rank transform (RT).

mit R:

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer518t`. Die Berechnung der normal scores erfolgt genauso wie Kapitel 5.3.4. Die Varianzanalyse enthält allerdings hier zusätzlich den Test des Faktor `Geschlecht`. Die Analyse wird mit `ezANOVA` (Paket `ez`) durchgeführt. Die Varianzhomogenität (Sphärizität) war schon in Kapitel 5.3.4 bestätigt worden:

```
library(ez)
ezANOVA(winer518t, nscore, Vpn, within=Zeit, between=Geschlecht)
```

```
           Effect DFn DFd          F           p  p<.05          ges
2      Geschlecht   1   8  0.4589120 5.172406e-01      0.04306605538
3            Zeit   2  16 26.1823940 9.001193e-06   *  0.41354670288
4 Geschlecht:Zeit   2  16 19.4945215 5.137485e-05   *  0.34428051545
```

mit SPSS:

Die Schritte im Einzelnen:

- Zunächst muss der Datensatz umstrukturiert werden, so dass aus den 3 Messwiederholungen jeweils 3 Fälle erzeugt werden. Das ist im Anhang 1.1.1 ausführlich beschrieben. Dabei wird die abhängige Variable `score` gebildet.
- Über Aggregate wird die Anzahl der Werte `nc` ermittelt.
- Die Werte werden in Ränge umgerechnet.
- Über die inverse Normalverteilung (`Idf.normal`) werden die Ränge in normal scores umgerechnet.
- Der Datensatz wird zurück in die ursprüngliche Form transformiert. Daraus resultieren

aus `nscore` die Variablen `nscore.1`,...

- Schließlich kann die parametrische Varianzanalyse auf die Variablen `nscore.1`,... angewandt werden.

Die Syntax hierfür sowie nachfolgend die Ausgabe der Anova-Tabellen. Die Varianzhomogenität (Spherizität) war schon in Kapitel 5.3.4 bestätigt worden, so dass für die Messwiederholungseffekte nur die Zeilen „Shärizität angenommen“ relavent sind.

```
Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.

Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(score).
Rank Variables=score / rank into Rscore.
compute nscore=Idf.normal(Rscore/(nc+1),0,1).
Sort cases by Vpn Zeit.

Casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Zeit
  /groupby=variable.

GLM nscore.1 nscore.2 nscore.3
  /wsfactor=Zeit 3 polynomial
  /wsdesign=Zeit
  /design=Geschlecht.
```

Tests der Zwischensubjekteffekte					
Quelle	Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	,003	1	,003	,003	,955
Geschlecht	,441	1	,441	,459	,517
Fehler	7,686	8	,961		

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	6,909	2	3,454	26,182	,000
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angen.	5,144	2	2,572	19,495	,000
Fehler(Zeit)	Sphärizität angen.	2,111	16	,132		

6. 7 van der Waerden-Tests

Das Verfahren von van der Waerden verläuft zunächst ähnlich den Puri & Sen-Tests auf Basis der KWF-Rangtransformation (vgl. Kapitel 6.4). D.h. zum einen erhalten die einzelnen Fälle Ränge (`RSum`) entsprechend der Summe der Messwiederholungen, und zum anderen werden die Werte der Messwiederholungen pro Fall analog dem Friedman-Test in Friedman-Ränge `Rxi` transformiert. Die Ränge werden jeweils in normal scores umgerechnet. Beide scores werden addiert. Schließlich werden die χ^2-Tests wie beim Verfahren von Puri & Sen durchgeführt. Wie

schon in Kapitel 2.6 erwähnt gibt es für den Fall mehrerer Messwiederholungsfaktoren kein entsprechendes Verfahren.

Folgende Schritte sind für eine Analysevariable x durchzuführen, wobei im Folgenden *J*=Anzahl der gesamten Messwiederholungen ist und die Anzahl der Analysevariablen im Beispiel 4 genau eine:

- Für die Analyse-Variable x (Variablen $x_1,...,x_J$) pro Erhebungseinheit *m* die Summe aller Messwiederholungen (Sum) errechnen.
- Diese Summen Sum in Ränge (RSum) umrechnen.
- Umrechnung der Rangsummen RSum in normal scores: $nsum = \Phi^{-1}(Rsum/(n+1))$, wobei *n* die Anzahl der Fälle ist.
- Für jede Erhebungseinheit (Versuchsperson) *m* werden die Werte $x_{m1},...,x_{mJ}$ in Ränge (1,...,*J*) transformiert und ergeben $Rx_{m1},...,Rx_{mJ}$.
- Umrechnung von Rx_{mj} in normal scores: $nscore_{mj} = \Phi^{-1}(Rx_{mj}/(J+1))$.
- Für jede Erhebungseinheit *m* und Messwiederholung *j*=1,...,*J*
  $nsx_{mj} = nsum_m + nscore_{mj}$
  berechnen
- Mit diesen normal scores wird eine parametrische Varianzanalyse mit Messwiederholungen durchgeführt.
- Auf Basis der Anova-Tabelle werden folgende χ^2-Tests aufgestellt, exakt wie beim Puri & Sen-Verfahren:
  Für die Effekte ohne Messwiederholungsfaktoren, z.B. A, B, A*B (vgl. Formel 2-6b):
  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{zwischen}}$$
  und für die Effekte (Haupteffekte und Interaktionen) mit Messwiederholungsfaktoren z.B. C, D, A*C, B*C, A*D,...,A*B*C,... (vgl. Formel 2-7):
  $$\chi^2 = \frac{SS_{Effekt}}{MS_{innerhalb}}$$
  wobei
  - SS_{Effekt} die Streuungsquadratsumme (Sum of Squares) des zu testenden Effektes ,
  - $MS_{zwischen}$ die Varianz der gesamten Zwischensubjektstreuung (MS, Mean Square), die die Streuung aller Gruppierungsfaktoren und deren Interaktionen sowie der damit verbundenen Fehlerstreuung beinhaltet,
    (z.B. A und Fehler/Residuen Gruppeneffekte)
  - $MS_{innerhalb}$ die Varianz der gesamten Innersubjektstreuung (MS, Mean Square), die die Streuung aller Messwiederholungsfaktoren und deren Interaktionen sowie der damit verbundenen Fehlerstreuung beinhaltet,
    (z.B. B, A*B und Fehler/Residuen Messwiederholungen)
- Die χ^2-Werte sind dann in den Tafeln für den χ^2-Test auf Signifikanz zu überprüfen, wobei die Freiheitsgrade die Zählerfreiheitsgrade (df_{Effekt}) des entsprechenden F-Tests sind.

6. 7. 1 Ein Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Die Schritte sollen zunächst wiederum am Datensatz des Beispiels 4 demonstriert werden. Die Überprüfung der Spherizität kann entfallen, da hier χ^2- anstatt F-Tests durchgeführt werden

mit R:

Auch hier wieder zunächst die elementare Berechnung, anschließend unter Verwendung einer R-Funktion für dieses Verfahren. Ausgangsbasis ist der Dataframe `winer518`. Die Schritte zur Erlangung der Anova-Tabelle, mit deren Hilfe die χ^2-Tests errechnet werden können, sind weitgehend identisch mit denen aus Kapitel 6.4. Zusätzlich wird zunächst die Anzahl der Merkmalsträger `nc` ermittelt, mit deren Hilfe die normal scores `nsum` für die Merkmalsträger berechnet werden. Ebenso werden die normal scores `nscore` für die 3 Messwiederholungen berechnet. Die Summe aus beiden zusammen bilden die normal scores `nsx`, auf deren Basis die Varianzanalyse durchgeführt wird:

```
Rsum     <- rank(rowSums(winer518[,3:5]))
nc       <- dim(winer518)[1]
nsum     <- qnorm(Rsum/(nc+1))
Vpn      <- 1:10
winer518 <- cbind(winer518,Vpn,Rsum,nsum)
winer518 <- within(winer518,
            {Geschlecht<-factor(Geschlecht); Vpn<-factor(Vpn)})
winer518t<- reshape(winer518, direction="long", timevar="Zeit",
            v.names="score", varying=c("t1","t2","t3"),idvar="Vpn")
winer518t<- within(winer518t, Zeit<-factor(Zeit))
Rscore   <- ave(winer518t$score, winer518t$Vpn, FUN=rank)
nscore   <- qnorm(Rscore/4)
nsx      <- nsum + nscore
aov3     <- aov(nsx~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t)
summary (aov3)
```

Zunächst die Ausgabe der (parametrischen) Anova:

```
Error: Vpn
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Geschlecht  1  0.368  0.3681   0.165  0.695
Residuals   8 17.833  2.2291

Error: Vpn:Zeit
                Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
Zeit             2  3.847  1.9237   33.81 1.8e-06 ***
Geschlecht:Zeit  2  3.331  1.6657   29.27 4.5e-06 ***
Residuals       16  0.910  0.0569
```

Nun zur Berechnung der χ^2-Werte:
Aus dem oberen Teil der Anova-Tabelle ist zu entnehmen:

$$MS_{zwischen} = \frac{0,368 + 17,833}{1 + 8} = 2,022$$

$$\chi^2_{Geschlecht} = \frac{0,368}{2,022} = 0,182$$

Aus dem unteren Teil der Anova-Tabelle ist zu entnehmen:

Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1) sowie bei 6,0

$$\chi^2_{Zeit} = \frac{3,847}{(3,847 + 3,331 + 0,910)/(2+2+16)} = \frac{3,847}{0,4044} = 9,513$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{3,331}{(3,847 + 3,331 + 0,910)/(2+2+16)} = \frac{3,331}{0,4044} = 8,24$$

bzw. 9,2 (df=2). Somit sind der Effekt „Zeit“ sowie die Interaktion stark signifikant.

Alternativ kann auch die Funktion `np.anova` (vgl. Anhang 3.6) angewandt werden. Der Aufruf ist praktisch identisch mit dem der Standardfunktion `aov`. Über den Parameter `method=1` wird das van der Waerden-Verfahren ausgewählt. Basis ist auch hierfür der umstrukturierte Datensatz (`winer518t`). Eingabe und Ausgabe:

```
np.anova(score~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit), winer518t, method=1)
```

```
                  Df  Sum Sq  Chisq Pr(>Chi)
Geschlecht         1  0.3681 0.1944  0.65929
Residuals Btw.Vpn  8 16.6742
Zeit               2  3.8475 9.5124  0.00860
Geschlecht:Zeit    2  3.3315 8.2367  0.01627
Residuals         16  0.9104
```

mit SPSS:

Ausgangspunkt ist der Beispieldatensatz 4. Folgende Schritte sind erforderlich:

- Errechnen der Summe der Messwiederholungsvariablen (`Sum`)
- Transformation der Summe in Ränge (`RSum`).
- Ermitteln der Anzahl der Fälle (`nc`) mittels `Aggregate`.
- Umwandeln von `RSum` in normal scores (Variable `nsum`) mittels `Idf.normal` .
- Umstrukturieren des Datensatzes, so dass aus den 3 Messwiederholungen jeweils 3 Fälle erzeugt werden. Das ist im Anhang 1.1.1 ausführlich beschrieben. Daraus resultiert die abhängige Variable `score`.
- Pro Vpn aus den Werten von `score` die Ränge `Rscore` errechnen.
- Umrechnen in normal score `nscore` mittels `Idf.normal` .
- Aus `nsum` und `nscore` die zu analysierende Variable `nsx` als deren Summe errechnen.
- Zurücktransformieren des Datensatzes wie in Kapitel 6.2.2., wobei aus `nsx` für die 3 Zeitpunkte die Variablen `nsx.1, nsx.2, nsx.3` entstehen.
- Durchführen der Varianzanalyse für die Variablen `nsx.1, nsx.2, nsx.3.`
- Berechnung der χ^2-Werte gemäß Formeln 2-6 buw. 2-7.

Die hierfür erforderlichen SPSS-Anweisungen:

```
compute sum=t1+t2+t3.
rank variables=Sum (A)
  /rank into RSum.
Aggregate
   /outfile=* mode=addvariables
   /break= /nc=NU(RSum).
```

```
compute nsum=Idf.normal(RSum/(nc+1),0,1).

Varstocases
  /Id=Vpn
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht Sum RSum nsum nc
  /null=keep.

Rank Variables=score by Vpn / rank into Rscore.
compute nscore=Idf.normal(Rscore/4,0,1).
compute nsx=nsum+nscore.
Sort cases by Vpn Zeit.

Casestovars
  /Id=Vpn
  /index=Zeit
  /groupby=variable.

GLM nsx.1 nsx.2 nsx.3
  /wsfactor=Zeit 3 polynomial
  /wsdesign=Zeit
  /design=Geschlecht.
```

Zunächst die Ausgabe der (parametrischen) Anova:

Tests der Zwischensubjekteffekte					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	9,006E-005	1	9,006E-005	,000	,995
Geschlecht	,368	1	,368	,165	,695
Fehler	17,833	8	2,229		

Tabelle 6-9a

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angen.	3,847	2	1,924	33,808	,000
Zeit * Geschlecht	Sphärizität angen.	3,331	2	1,666	29,274	,000
Fehler(Zeit)	Sphärizität angen.	,910	16	,057		

Tabelle 6-9b

Aus Tabelle 6-9a ist zu entnehmen:

$$MS_{zwischen} = \frac{0,368 + 17,833}{1 + 8} = 2,022$$

$$\chi^2_{Geschlecht} = \frac{0,368}{2,022} = 0,182$$

Aus Tabelle 6-9b ist zu entnehmen:

$$\chi^2_{Zeit} = \frac{3,847}{(3,847 + 3,331 + 0,910)/(2 + 2 + 16)} = \frac{3,847}{0,4044} = 9,513$$

$$\chi^2_{Interaktion} = \frac{3,331}{(3,847 + 3,331 + 0,910)/(2 + 2 + 16)} = \frac{3,331}{0,4044} = 8,24$$

Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1) sowie bei 6,0 bzw. 9,2 (df=2). Somit sind der Effekt „Zeit“ sowie die Interaktion stark signifikant.

6. 7. 2 Zwei Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Die Schritte sollen am Datensatz des Beispiels 6 (`winer568`) demonstriert werden. Die Überprüfung der Spherizität kann wieder entfallen, da hier χ^2- anstatt F-Tests durchgeführt werden.

Eine Bemerkung vorab zu den nachfolgenden Ergebnissen. Dort sind die Tests für die Interaktionen mit der Messwiederholung „Zeit“ mit p=0,64 (A*Zeit) bzw. p=0,93 (B*Zeit) weit entfernt von einem signifikanten Ergbnis. Dagegen wurden diese Effekte in der ART- wie auch in der ART+INT-Analyse (Kapitel 6.5.3) als hochsignifikant ausgewiesen. Die gleichen signifikanten Ergbenisse erhielte man mit der parametrischen Analyse und dem RT-Verfahren. Der eklatante Unterschied der Puri & Sen- und der van der Waerden-Tests gegenüber den anderen Verfahren hinsichtlich der Interaktionen A*Zeit und B*Zeit ist auf die geringe Residuenstreuung der Messwiederholungseffekte zurückzuführen. Diese geht bei der dort vorgenommenen Rangbildung zum Teil verloren.

mit R:

Hier soll die Durchführung der Analyse lediglich wieder mit der o.a. Funktion `np.anova` gezeigt werden. Die elementare Berechnung ist zum einen aus dem Kapitel 6.4.5 ersichtlich, zum anderen die Bildung der χ^2-Werte aus der Lösung mit SPSS.

Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte Dataframe `winer568t`. Die Varianzanalyse nach Puri & Sen wird mittels der Funktion `np.anova` durchgeführt:

```
np.anova(x ~ A*B*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer568t, method=1)
```

```
generalized van der Waerden tests
                    Df  Sum Sq   Chisq Pr(>Chi)
A                    1  4.7612  1.6841  0.19438
B                    1 16.0715  5.6846  0.01711
A:B                  1  0.1196  0.0423  0.83705
Residuals Btw.Vpn    8 10.1467
Zeit                 3 15.8957 32.6629  0.00000
A:Zeit               3  0.8279  1.7013  0.63665
B:Zeit               3  0.2285  0.4695  0.92554
A:B:Zeit             3  0.0794  0.1632  0.98330
Residuals Zeit      24  0.4882
```

mit SPSS:

Die elementaren Berechnungen sollen hier ausführlich gezeigt werden, da für dieses Design die Durchführung des Puri & Sen-Verfahrens nicht gezeigt worden war.

Folgende Schritte sind erforderlich:

- Errechnen der Summe der Messwiederholungsvariablen (`Sum`) und Transformation der Summe in Ränge (`RSum`).
- Ermitteln der Anzahl der Fälle (`nc`) mittels `Aggregate`.
- Umwandeln von `RSum` in normal scores (Variable `nsum`) mittels `Idf.normal` .

- Umstrukturieren des Datensatzes, so dass aus den 3 Messwiederholungen jeweils 3 Fälle erzeugt werden. Das ist im Anhang 1.1.1 ausführlich beschrieben. Daraus resultiert die abhängige Variable `score`.
- Pro Vpn aus den Werten von `score` die Ränge `Rscore` sowie die normal scores `nscore` mittels `Idf.normal` errechnen.
- Aus `nsum` und `nscore` die zu analysierende Variable `nsx` als deren Summe errechnen.
- Zurücktransformieren des Datensatzes wie in Kapitel 6.2.2., wobei aus `nsx` für die 3 Zeitpunkte die Variablen `nsx.1, nsx.2, nsx.3` entstehen.
- Schließlich die Varianzanalyse für die Variablen `nsx.1, nsx.2, nsx.3.`

```
compute sum=sum(v1 to v4).
rank variables=Sum (A)
/rank into RSum.

Aggregate
/outfile=* mode=addvariables
/break= /nc=NU(RSum).
compute nsum=Idf.normal(RSum/(nc+1),0,1).
execute.

Varstocases
/Id=Vpn
/make Score from v1 v2 v3 v4
/index=Zeit(4)
/keep=A B RSum nsum
/null=keep.

Rank variables=Score (A) by Vpn
/rank into RScore.
compute nscore=Idf.normal(Rscore/5,0,1).
compute nsx=nsum+nscore.
execute.

Sort cases by Vpn Zeit.
Casestovars
/Id=Vpn
/index=Zeit
/groupby=variable.

GLM nsx.1 nsx.2 nsx.3 nsx.4  by A B
  /WSfactor=Zeit 4 Polynomial
  /WSdesign=Zeit
  /design=A B A*B.
```

Nachfolgend zunächst die Tabelle für die Tests der Gruppierungsvariablen A und B (Zwischensubjekteffekte), danach die Tabelle für alle Tests, bei denen die Messwiederholung Zeit involviert ist (Innersubjekteffekte). Da die Spherizität nicht erforderlich ist, werden nur die entsprechenden Zeilen wiedergegeben:

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	,001	1	,001	,001	,981
A	4,761	1	4,761	3,754	,089
B	16,071	1	16,071	12,671	,007
A * B	,120	1	,120	,094	,767
Fehler	10,147	8	1,268		

Quelle		Quadrat-summe	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Sphärizität angenommen	15,896	3	5,299	260,499	,000
Zeit * A	Sphärizität angenommen	,828	3	,276	13,568	,000
Zeit * B	Sphärizität angenommen	,228	3	,076	3,744	,024
Zeit * A * B	Sphärizität angenommen	,079	3	,026	1,302	,297
Fehler(Zeit)	Sphärizität angenommen	,488	24	,020		

Nun zur Berechnung der χ^2-Werte aus den o.a. Quadratsummen:

$$MS_{zwischen} = \frac{4,761 + 16,071 + 0,12 + 10,147}{1 + 1 + 1 + 8} = 2,827$$

$$\chi^2_A = \frac{4,761}{2,827} = 1,68$$

$$\chi^2_B = \frac{16,071}{2,827} = 5,68$$

$$\chi^2_{A \times B} = \frac{0,12}{2,827} = 0,04$$

$$MS_{innerhalb} = \frac{15,9 + 0,83 + 0,23 + 0,08 + 0,49}{3 + 3 + 3 + 3 + 24} = 0,487$$

$$\chi^2_{Zeit} = \frac{15,9}{0,487} = 32,65$$

$$\chi^2_{A \times Zeit} = \frac{0,83}{0,487} = 1,70$$

$$\chi^2_{B \times Zeit} = \frac{0,23}{0,487} = 0,47$$

$$\chi^2_{A \times B \times Zeit} = \frac{0,08}{0,487} = 0,16$$

Die für die Signifikanzprüfung erforderlichen Freiheitsgrade sind der o.a. parametrischen Varianzanalyse zu entnehmen, also df=1 für die Gruppeneffekte bzw. df=3 für die Messwiederholungseffekte. Die 5%- bzw. 1%-Schranken der χ^2-Verteilung liegen bei 3,8 bzw. 6,6 (df=1) sowie bei 7,8 bzw. 11,34 (df=3). Somit sind der Effekt „B“ schwach und „Zeit“ stark signifikant.

6. 8 ATS-Tests von Akritas, Arnold & Brunner

Den von Akritas, Arnold und Brunner entwickelten ATS-Test gibt es auch für mehrfaktorielle Varianzanalysen mit gemischten Designs. Während in R dazu das Paket `nparLD` zur Verfügung steht, gibt es in SPSS derzeit keine Möglichkeit zur Anwendung dieses Verfahrens.

mit R:

Die 2-faktorielle Analyse mittels `nparLD` soll ebenfalls am Datensatz des Beispiels 4 gezeigt werden. Ausgangsbasis ist wieder der in Kapitel 5.1.2 erstellte umstrukturierte Dataframe `winer518t`. Die Analyse kann mittels zwei Funktionen erfolgen:

- `nparLD` ist eine universelle Funktion für alle verarbeitbaren Designs.
- `f1.ld.f1` erlaubt fehlende Werte bei den Messwiederholungen, gibt einen Mittelwertplot aus sowie eine Reihe weiterer, hier allerdings nicht interessierender Statistiken. (Darüber hinaus gibt es entsprechende Funktionen für 3-faktorielle Designs:
  `f2.ld.f1` für zwei Gruppierungs- und einen Messwiederholungsfaktor sowie
  `f1.ld.f2` für einen Gruppierungs- und zwei Messwiederholungsfaktoren .)

Beide geben sowohl die WTS als auch die ATS aus. Die Ausgabe unterscheidet sich nicht hinsichtlich der Wiedergabe dieser Statistiken. Nachfolgend zunächst die Eingabe für beide Varianten, wobei zu beachten ist, dass bei `nparLD` trotz Angabe des Dataframes die Variablennamen nicht automatisch gefunden werden. Daher muss bei beiden Funktionen entweder jeder Variablenname zusammen mit dem Dataframenamen in der üblichen Form, z.B. `winer518t$score` angegeben werden oder mit `with(winer518t,...)` ausgeführt werden:

```
library(nparLD)
with(winer518t, nparLD(score~Geschlecht*Zeit,winer518t,Vpn))
with(winer518t, f1.ld.f1(score,Zeit,Geschlecht, Vpn,
    time.name="Zeit",group.name="Geschlecht")) -> ano
round(ano$ANOVA.test,3)
```

Bei `f1.ld.f1` müssen die Faktoren zweimal angegeben werden: zum einen zur Identifikation des Faktors, zum anderen in "..." als Name des Faktors für die Ausgabe. Diese Funktion gibt noch zusätzlich einen Interaktionsplot aus, allerdings der relativen Effekte (vgl. Kapitel 2.5) anstatt der Mittelwerte, da sich ja die Hypothesen auf erstere beziehen:

Die Ergebnisse von nparLD:

```
Wald-Type Statistc (WTS):
                 Statistic df      p-value
Geschlecht       0.6079316  1 4.355677e-01
Zeit            40.2018842  2 1.863253e-09
Geschlecht:Zeit 36.3186594  2 1.298683e-08

ANOVA-Type Statistc (ATS):
                 Statistic       df      p-value
Geschlecht       0.6079316 1.000000 4.355677e-01
Zeit            22.3581811 1.972665 2.515147e-10
Geschlecht:Zeit 16.0426724 1.972665 1.281568e-07
```

Bei der Ausgabe von `f1.ld.f1` gibt es die Möglichkeit, einzelne Teile auszugeben, etwa die ATS- (Anova-) Tabelle (..`$ANOVA.test`) oder die WTS- (Wald-Test-) Tabelle (..`Wald.test`). Dies hat denVorteil, dass man über die Funktion `round` die Zahlendarstellung der Art xxxe-nn ändern kann.

```
                Statistic     df p-value
Geschlecht         0.6079 1.0000  0.4356
Zeit              22.3582 1.9727  0.0000
Geschlecht:Zeit   16.0427 1.9727  0.0000
```

6. 9 Bredenkamp Tests

Zunächst sei noch einmal darauf hingewiesen, dass die Tests von Bredenkamp (vgl. Lienert, 1987, S. 1024 ff und Bredenkamp, 1974) letztlich mit den Puri & Sen-Tests (vgl. u.a. Kapitel 6.4) identisch sind. Lediglich die Berechnung erfolgt auf einem anderen Weg. Insbesondere für SPSS-Benutzer können die Tests von Bredenkamp bei gemischten Versuchsplänen von Nutzen sein, da zum einen die ATS aus dem vorigen Kapitel nicht zur Verfügung stehen und zum anderen bei diesen Tests keine Umstrukturierungen der Daten erforderlich sind. Daher werden nachfolgend Beispiele nur mit SPSS gerechnet. Hinzu kommt, dass es in R erhebliche Schwierigkeiten bereitet, Friedman-Tests für Teildatensätze durchzuführen, was bei den Bredenkamp Tests erforderlich ist.

Für das Prozedere werden die einzelnen Versuchspläne unterschieden. Im ersten Fall der 2-faktoriellen Analyse wird das Grundprinzip gezeigt und in den 3-faktoriellen Analysen dann erweitert.

6. 9. 1 Ein Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Die drei Effekte (Gruppierungsfaktor A, Messwiederholungsfaktor B sowie die Interaktion) werden wie folgt überprüft:

- Haupteffekt A:
  pro Erhebungseinheit (z.B. Versuchsperson) wird die Summe aller Messwiederholungen errechnet. Hierauf wird dann der Kruskal-Wallis-H-Test angewandt.
- Haupteffekts B: ein Friedman-Test wird über die Messwiederholungen durchgeführt, wobei die Gruppeneinteilung durch den Faktor A ignoriert wird.
- Interaktion: Unter Ausnutzung der Additivität der χ^2-Werte wird für jede Stufe des Faktors A ein Friedman-Test für B errechnet, die resultierenden χ^2-Werte aufsummiert, davon der χ^2-Wert des Friedman-Tests des Haupteffekts B abgezogen und schließlich der Restwert anhand der Tabelle der χ^2-Verteilung auf Signifikanz überprüft:.

χ^2-Testwerte	Freiheitsgrade
$\chi^2_B(A_1)$ $+\chi^2_B(A_2)$ + ... $+\chi^2_B(A_k)$ $-\chi^2_B$	*J-1* *J-1* ... *J-1* *J-1*
$Summe(\chi^2_B(A_i)) - \chi^2_B$	*(I-1)(J-1)*

mit SPSS:

Es wird wieder der Datansatz 4 (winer518) benutzt. Zunächst muss das Skalennivau der Variablen `t1,t2,t3` auf „Skala“ gesetzt werden, anschließend deren Summe `tsum` errechnet, damit der Kruskal-Wallis-Test zum Test des Geschlechtseffekts sowie der Friedman-Test für `t1,t2,t3` zum Test des Zeiteffekts durchgeführt werden können. Danach wird wiederum der Friedman-Test durchgeführt, allerdings dann mittels `Split File` für die beiden Geschlechtsgruppen getrennt.

```
compute tsum=t1+t2+t3.
Nptests
  /Independent test (tsum) group (Geschlecht) kruskal_wallis.
Nptests
  /Related test(t1 t2 t3) friedman.

Sort cases  by Geschlecht.
Split File seperate by Geschlecht.
Nptests
  /Related test(t1 t2 t3) friedman.
```

Die Ausgabe zeigt zunächst links den K-W-Test (für „Geschlecht“), rechts den Friedman-Test (für „Zeit“):

Gesamtanzahl	10
Teststatistik	,099
Freiheitsgrade	1
Asymptotische Sig. (zweiseitiger Test)	,753

Gesamtanzahl	10
Teststatistik	9,556
Freiheitsgrade	2
Asymptotische Sig. (zweiseitiger Test)	,008

Die Teststatistiken (χ^2-Werte) für die beiden Friedman-Test zur Ermittlung der Interaktion:

χ^2_{Zeit} (Männer) = 9,333 (2 Fg)
χ^2_{Zeit} (Frauen) = 8,444 (2 Fg)

Zieht man von der Summe 17,777 (4 Fg) den o.a. χ^2_{Zeit} (gesamt) mit dem Wert 9,556 (2 Fg) ab, so erhält man $\chi^2_{Interaktion}$ = 8,222 mit 2 Fg. Die 5%-Schranke für die χ^2-Verteilung liegt bei 6,0 für df=2, so dass die Interaktion als signifikant angesehen werden kann. Die Ergebnisse decken sich mit denen aus Kapitel 6.4.

6. 9. 2 Zwei Gruppierungs- und ein Messwiederholungsfaktor

Das Prinzip aus dem vorigen Abschnitt wird nun auf drei Faktoren erweitert. Allerdings können die Bredenkamp Tests nur für balancierte Versuchspläne (vgl. Kapitel 4.3.1.1) angewandt werden. Im Folgenden werden die beiden Gruppierungsfaktoren mit A und B (mit Gruppenzahl *I* bzw. *J*), der Messwiederholungsfaktor mit C (mit Gruppenzahl *K*) bezeichnet. Die Effekte werden wie folgt überprüft:

- Haupteffekte A und B:
  pro Erhebungseinheit (z.B. Versuchsperson) wird die Summe aller Messwiederholungen errechnet. Hierauf wird dann jeweils für A und B der Kruskal-Wallis-H-Test angewandt.
- Interaktion A*B: Zunächst wird ein H-Test über alle Zellen hinweg gerechnet. Von diesem χ^2-Wert werden die Werte aus den H-Tests für Faktor A und Faktor B subtrahiert. Das Ergebnis ist der χ^2-Wert für die Interaktion A*B. Analog werden die Freiheitsgrade ermittelt.
- Haupteffekt C: ein Friedman-Test wird über die Messwiederholungen durchgeführt, wobei die Gruppeneinteilung durch die Faktoren A und B ignoriert wird.
- Interaktion A*C: Unter Ausnutzung der Additivität der χ^2-Werte wird für jede Stufe des

Faktors A ein Friedman-Test für C errechnet, die resultierenden χ^2-Werte aufsummiert, davon der χ^2-Wert des Friedman-Tests des Haupteffekts C abgezogen und schließlich der Restwert anhand der Tabelle der χ^2-Verteilung auf Signifikanz überprüft.

- Interaktion B*C: analog Interaktion A*C.
- Interaktion A*B*C: für jede der *I**J Zellen von A*B wird ein Friedman-Test für C errechnet, die resultierenden χ^2-Werte aufsummiert, davon die χ^2-Werte des Haupteffekts C, der Interaktion A*C sowie der Interaktion B*C abgezogen und schließlich der Restwert anhand der Tabelle der χ^2-Verteilung auf Signifikanz überprüft. Die dafür erforderlichen Freiheitsgrade errechnen sich analog zu den χ^2-Werten.

mit SPSS:

Die Berechnungen sollen am Datensatz 6 (`winer568`) demonstriert werden. Zunächst muss das Skalennivau der Variablen `v1,..,v4` auf „Skala“ gesetzt werden, anschließend deren Summe `vsum` errechnet, womit zwei H-Tests zur Prüfung der Effekte A und B durchgeführt werden. Für `v1,..,v4` wird eine Friedman-Analyse zum Test des Zeiteffekts gerechnet. Hier empfiehlt es sich, die „alten“ Anweisungen für die nichtparametrischen Tests (`Npar Tests`) zu verwenden, da bei diesen die Ergebnisse „direkt“ im Ausgabefenster angezeigt werden und nicht erst über ein Doppelklick in einem separaten Fenster erscheinen.

```
compute vsum=v1+v2+v3+v4.
Npar tests
  /K-W = vsum by A.
Npar tests
  /K-W = vsum by B.
Npar tests
  /Friedman = v1 v2 v3 v4.
```

Nachfolgend werden nur die χ^2-Werte protokolliert:

$\chi^2_A = 1{,}468$ (1 Fg)

$\chi^2_B = 5{,}872$ (1 Fg)

$\chi^2_{Zeit} = 32{,}635$ (3 Fg)

Für die Interaktion A*B wird zunächst eine Zellennummer `Zelle` errechnet, für die Gruppierung dann ein H-Test bzgl. `vsum` errechnet. Anschließend von der resultierenden Teststatistik die beiden o.a. Statistiken für A und B subtrahiert:

```
compute Zelle=(a-1)*2+b.
Npar tests   /K-W = vsum by Zelle.
```

$\chi^2_{Zellen} = 7{,}399$ (3 Fg)

$\chi^2_{A*B} = \chi^2_{Zellen} - \chi^2_A - \chi^2_B = 7{,}399 - 1{,}468 - 5{,}872 = 0{,}059$ (1 Fg)

Für die Interaktion A*Zeit werden jeweils Friedman-Tests für die zwei Stufen von A errechnet, die resultierenden χ^2-Werte addiert und davon der oben errechnete Wert χ^2_{Zeit} subtrahiert:

```
Sort cases  by A.
Split File seperate by A.
Npar tests
  /Friedman = v1 v2 v3 v4.
```

$\chi^2_{Zeit}(A_1) = 16{,}932$ (3 Fg)

$\chi^2_{Zeit}(A_2) = 17{,}357$ (3 Fg)

$\chi^2_{A*Zeit} = \chi^2_{Zeit}(A_1) + \chi^2_{Zeit}(A_2) - \chi^2_{Zeit} = 16{,}932 + 17{,}357 - 32{,}635 = 1{,}654$ (3 Fg)

Analog erhält man für die Interaktion B*Zeit:

$\chi^2_{Zeit}(B_1) = 16{,}158$

$\chi^2_{Zeit}(B_2) = 16{,}966$

$\chi^2_{B*Zeit} = \chi^2_{Zeit}(B_1) + \chi^2_{Zeit}(B_2) - \chi^2_{Zeit} = 16{,}158 + 16{,}966 - 32{,}635 = 0{,}489$ (3 Fg)

Für die Interaktion A*B*Zeit werden zuerst für alle 4 Zellen von A*B jeweils ein Friedman-Test für den Faktor Zeit gerechnet und die resultierenden Teststatistiken (χ^2-Werte) addiert. Davon werden dann der oben errechnete Wert χ^2_{Zeit} sowie die χ^2-Werte der Interaktionen A*Zeit und B*Zeit subtrahiert:

```
Sort cases  by Zelle.
Split File seperate by Zelle.
Npar tests
  /Friedman = v1 v2 v3 v4.
```

$\chi^2_{Zeit}(A_1B_1) = 8{,}379$ (3 Fg)

$\chi^2_{Zeit}(A_1B_2) = 9{,}000$ (3 Fg)

$\chi^2_{Zeit}(A_2B_1) = 8{,}786$ (3 Fg)

$\chi^2_{Zeit}(A_2B_2) = 8{,}786$ (3 Fg)

$$\begin{aligned}\chi^2_{A*B*Zeit} &= \chi^2_{Zeit}(A_1B_1) + \chi^2_{Zeit}(A_1B_2) + \chi^2_{Zeit}(A_2B_1) + \chi^2_{Zeit}(A_2B_2) \\ &\quad - \chi^2_{Zeit} - \chi^2_{A*Zeit} - \chi^2_{B*Zeit} \\ &= 8{,}379 + 9{,}000 + 8{,}786 + 8{,}786 - 1{,}654 - 0{,}489 - 32{,}635 \\ &= 0{,}172 \quad (3\ Fg)\end{aligned}$$

Die p-Werte für die drei Haupteffekte werden in SPSS ja ausgegeben. Die χ^2-Werte für die Interaktionen müssen mit den tabellierten kritischen Werten verglichen werden. Die 5%-Schranke für die χ^2-Verteilung liegt bei 3,8 bzw. 9,0 für df=1 bzw. df=3, so dass keine Interaktion als signifikant angesehen werden kann. Vergleicht man diese Ergebnisse mit denen der ART-Methode (Kapitel 6.5.3), so zeigt sich deutlich, dass bei diesem Verfahren die Tests der Interaktionen relativ konservativ ausfallen.

6. 10 Verfahren ohne Homogenitäts-Voraussetzungen

Hierunter fallen zum einen die in Kapitel 5.2 kurz vorgestellten multivariaten Tests (u.a. Hotelling-Lawley), das darauf basierende nichtparametrische Verfahren von Koch sowie das Verfahren für nichthomogene Varianzen von Welch & James. Der multivariate Test war bereits in Kapitel 5.3.9 für die 1-faktorielle Analyse vorgestellt worden. Bei gemischten Versuchsplänen wird allerdings dennoch die Homogenität der Kovarianzmatrizen, allerdings der Differenzen, gefordert, nicht jedoch die Spherizität. Darüber hinaus gehören die Methoden GEE und GLMM in diese Kategorie.

Die genannten Verfahren werden in der Literatur lediglich für 2-faktorielle gemischte Versuchspläne beschrieben. Gegebenenfalls kann man sich bei 3- oder mehrfaktoriellen Designs damit behelfen, jeweils einen Gruppierungs- und einen Messwiederholungsfaktor auszuwählen und das Verfahren darauf anzuwenden, da Hypothesen für 3er-Interaktionen eher seltener vorliegen. Bei der Auswahl eines von mehreren Messwiederholungsfaktoren müssen vorher die Summen über den/die anderen Messwiederholungsfaktoren gebildet und das ausgewählte Verfahren darauf angewandt werden. Beide Verfahren basieren auf umfangreichen Matrizenrechnungen und sind daher mit SPSS nicht durchführbar. Für die Anwendung in R werden vom Autor entsprechende Funktionen bereitgestellt (vgl. Anhang 3). Alle drei Verfahren werden anhand des Datensatzes `winer568` vorgestellt.

6. 10. 1 Hotelling-Lawley (multivariate Analyse)

Bei der Besprechung der Voraussetzungen in Kapitel 5.2 sowie in 5.3.9 wurde bereits darauf hingewiesen, dass der Test eine multivariate Normalverteilung der Messwiederholungsvariablen voraussetzt, und wie dies ersatzweise überprüft werden kann. Die numerische Abweichung des Ergebnisses für den Faktor Zeit in Kapitel 5.3.9 mit dem entsprechenden Ergebnis hier erklärt sich durch die Hinzunahme des Faktors A. Zu beachten ist, dass bei einer mehrfaktoriellen Analyse, im nachfolgenden Beispiel mit einem Gruppierungs- und einem Messwiederholungsfaktor, mit dem Verfahren von Hotelling-Lawley nur die Effekte getestet werden, die den Messwiederholungsfaktor enthalten, also diesen sowie dessen Interaktionen mit dem oder den Gruppierungsfaktoren. Die Tests der Gruppierungshaupteffekte sind ja nicht von der Spherizität betroffen und können daher mit der „normalen“ parametrischen Varianzanalyse geprüft werden.

mit R:

Der Test von Hotelling-Lawley wird u.a. über zwei Standardfunktionen angeboten, `manova` sowie `lm` für allgemeine lineare Modelle. In diesem Fall ist `lm` einfacher anzuwenden. In jedem Fall ist die Berechnung der Differenzen der 4 Messwiederholungsvariablen V1,..,V4 erforderlich: V4-V3, V3-V2 und V2-V1. Dieses kann implizit im Aufruf der Funktion erfolgen, wobei allerdings in jedem Fall diese Variablen zu einer Matrix zusammengefasst werden müssen, z.B. mittels `cbind`. Die Struktur der Datenmatrix muss hier die „normale“, also untransformierte sein. Nachfolgend die Ein- und Ausgabe:

```
with(winer568,anova(lm(cbind(V4-V3,V3-V2,V2-V1)~A),
    test="Hotelling-Lawley"))
```

```
Analysis of Variance Table

            Df Hotelling-Lawley approx F num Df den Df    Pr(>F)
(Intercept)  1           40.514  108.039      3      8 8.205e-07 ***
A            1           30.118   80.316      3      8 2.590e-06 ***
Residuals   10
```

In der Zeile „Intercept“ wird der Test für den Faktor Zeit ausgegeben, der bereits in Kapitel 5.3.9 überprüft worden war. In der Zeile A ist das Ergebnis für die Interaktion A*Zeit abzulesen. Beide Effekte sind signifikant.

Soll der Haupteffekt A getestet werden, müsste der Datensatz wegen der Messwiederholungen umstrukturiert werden und eine Varianzanalyse wie in Kapitel 6.2 beschrieben durchgeführt werden. Es geht aber auch einfacher: Die Summe der Messwiederholungsva-

riablen wird errechnet und damit eine Varianzanalyse ohne Messwiederholungen (siehe Kapitel 4.3.2) durchgeführt:

```
within(winer568,Vsum<-V1+V2+V3+V4)->winer568
summary(aov(Vsum~A,winer568))
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
A            1   75.0   75.00   2.045  0.183
Residuals   10  366.7   36.67
```

mit SPSS:

Ein- und Ausgabe sind im Wesentlichen die gleiche wie im Beispiel des Kapitel 5.3.9. Lediglich ist zusätzlich der bzw. die Gruppierungsfaktoren anzugeben:

```
GLM V1 V2 V3 V4 by A
  /WSfactor=Zeit 4 Polynomial
  /WSdesign=Zeit
  /design=A.
```

Multivariate Tests

Effekt		Wert	F	Hypothese df	Fehler df	Sig.
Zeit	Pillai-Spur	,976	108,039[b]	3,000	8,000	,000
	Wilks-Lambda	,024	108,039[b]	3,000	8,000	,000
	Hotelling-Spur	40,514	108,039[b]	3,000	8,000	,000
	Größte charakteristische Wurzel nach Roy	40,514	108,039[b]	3,000	8,000	,000
Zeit * A	Pillai-Spur	,968	80,316[b]	3,000	8,000	,000
	Wilks-Lambda	,032	80,316[b]	3,000	8,000	,000
	Hotelling-Spur	30,118	80,316[b]	3,000	8,000	,000
	Größte charakteristische Wurzel nach Roy	30,118	80,316[b]	3,000	8,000	,000

In den Zeilen „Hotelling-Spur“ sind die Ergebnisse für den Haupteffekt Zeit bzw. für die Interaktion A*Zeit abzulesen. Beide Effekte sind signifikant. Am Ende wird noch die Tabelle der Tests für die Gruppierungsfaktoren ausgegeben:

Tests der Zwischensubjekteffekte

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	1752,083	1	1752,083	191,136	,000
A	18,750	1	18,750	2,045	,183
Fehler	91,667	10	9,167		

6. 10. 2 Welch & James

Das Verfahren von Welch & James kann als semiparametrisch angesehen werden, ähnlich den Mittelwertvergleichen für inhomogene Varianzen. Es setzt weder Sphärizität der Kovarianzmatrix noch deren Homogenität über die einzelnen Gruppen voraus. Damit ist es unproblematischer anzuwenden als die parametrischen Varianzanalysen unter Verwendung der ε-Korrekturen. Keselman, Carriere & Lix haben sich intensiv mit dem Verfahren von Welch & James auseinandergesetzt, u.a. in dem eingangs erwähnten Artikel (1993). Das Verfahren datiert zwar

aus den 50er Jahren ist aber erst 1980 von Johansen in einer praktikablen Version präsentiert worden. In verschiedene Artikeln schneidet es bei Vergleichen relativ gut ab. Allerdings mit einer Einschränkung: Insbesondere für den Test der Interaktion sind hinreichend große n_i erforderlich, da bei zu kleinen n_i der Test liberal reagiert, Keselman et al. (1993) empfehlen $n_i > 4*(J-1)$, wobei J die Anzahl der Messwiederholungen ist.

mit R:

Das Verfahren wird auf den Beispieldatensatz 6 (`winer568`) angewandt, der zwei Gruppierungsfaktoren A und B enthält. Hier soll die Varianzanalyse für die Faktoren Zeit (Messwiederholung) und A durchgeführt werden. Es sei darauf aufmerksam gemacht, dass die o.a. Bedingung für die n_i hier nicht erfüllt ist, da n_i =6 kleiner als 4*(4-1)=12 ist. Zunächst wird mit der Funktion `ezANOVA` angezeigt, dass die Spherizität nicht erfüllt ist ($p < 0.01$). Dazu dient wieder die umstrukturierte Version `winer568t`.

```
ezANOVA(winer568t,x,Vpn,between=.(A),within=.(Zeit))
```

```
$ANOVA
  Effect DFn DFd           F            p p<.05       ges
2      A   1  10    2.045455 1.831546e-01       0.1186083
3   Zeit   3  30 120.192308 8.243534e-17     * 0.8043758
4 A:Zeit   3  30  15.297203 3.194690e-06     * 0.3435414

$`Mauchly's Test for Sphericity`
  Effect          W            p p<.05
3   Zeit 0.05875131 0.0001770111     *
4 A:Zeit 0.05875131 0.0001770111     *
```

Die Funktion `wj.spanova` (vgl. Anhang 3) führt die Varianzanalyse nach dem Verfahren von Welch & James aus, gibt allerdings keinen Test für den Test des Gruppierungsfaktors aus. Dazu muss die abhängige Variable zunächst über die Messwiederholungen addiert oder gemittelt, z.B. mit Hilfe der Funktion `rowMeans`, und die Summe dann mit dem Welch & James-Verfahren für unabhängige Stichproben getestet werden. Hierbei ist allerdings der ursprüngliche Dataframe `winer568` zu verwenden. Zu beachten ist, dass bei den Aufrufen von `wj.spanova` und `wj.anova` die Variablennamen in `" "` gesetzt werden müssen.

```
wj.spanova(winer568t,"x","A","Zeit","Vpn")
V        <-rowMeans(winer568[,c("V1","V2","V3","V4")])
winer568 <- cbind(winer568,V)
wj.anova(winer568,"V","A")
```

Hier die Ausgabe zunächst von `wj.spanova`, wonach beide Effekte stark signifikant sind, danach von `aov`.

```
         F value df num df denom      p value
Zeit   115.87041      3 8.055823 5.790882e-07
A:Zeit  86.13801      3 8.055823 1.847051e-06
```

```
    Chi Sq   df  P(Chi>value)
A 2.045455    1        0.2225
```

6. 10. 3 Koch

Koch hat diverse nichtparametrische Verfahren für gemischte Versuchspläne entwickelt (vgl. Koch, 1993). Eines davon entspricht einer Übertragung des multivariaten Ansatzes des Messwiederholungsmodells (vgl. Kapitel 5.2), das zwar keine Sphärizität, dafür aber multivariate Normalverteilung voraussetzt, auf rangtransformierte Daten. Damit entfallen auch hier die entsprechenden Prüfungen von Voraussetzungen.

mit R:

Das Verfahren wird wieder auf den Beispieldatensatz 6 (`winer568`) angewandt, der zwei Gruppierungsfaktoren A und B enthält. Hier soll die Varianzanalyse für die Faktoren Zeit (Messwiederholung) und A durchgeführt werden, für die, wie im vorigen Abschnitt gezeigt wurde, die Sphärizität nicht erfüllt ist. Dazu dient ausnahmsweise die untransformierte Version `winer568`. Beim Aufruf der Funktion `koch.anova` (vgl. Anhang 3) werden aus dem Dataframe zwei Parameter übergeben: zum einen die abhängigen Variablen (die Variablen 3 bis 6), zum anderen die Gruppierungsvariable (Variable A):

```
koch.anova(winer568[,3:6],winer568$A)
```

```
   chisquare   df     p value
A    1.467972    1 0.225666013
B   12.000000    3 0.007383161
A:B 10.285442    3 0.016289293
```

Bei der Ausgabe ist zu beachten, dass die Faktoren einfach mit „A“ und „B“ bezeichnet werden, d.h. in diesem Beispiel entspricht „A“ wirklich dem Faktornamen, und „B“ entspricht dem Faktor Zeit (Messwiederholungen).

6. 10. 4 GEE

In Kapitel 2.15 war darauf hingewiesen worden, dass die GEE-Methode deutlich schwächere Voraussetzungen hat als die parametrische Varianzanalyse, die Anwendung allerdings problematisch ist, insbesondere wenn die Fallzahl nicht hinreichend groß ist. Wenn also das Programm mit einer Fehlermeldung abbricht, so kann man einen weiteren Versuch ohne Interaktionen starten, weil dadurch die zu schätzende Parameteranzahl deutlich reduziert wird. Das Verfahren soll hier wiederum am Datensatz des Beispiels 4 demonstriert werden.

mit R:

In R gibt es u.a. die folgenden Funktionen für Analyse mit Messwiederholungen mittels der GEE-Methode:

- `gee` (Paket `gee`)
- `geeglm` (Paket `geepack`)
- `geem` (Paket `geeM`)
- `gee` (Paket `drgee`)
- `MGEE` (Paket `PGEE`)

Die Eingabe ist bei allen Funktionen weitgehend identisch. Leider werden von allen nur die Kontrast-Koeffizienten mit Tests ausgegeben, aber keine Anova-Tabelle. Gegebenenfalls muss man aus diesen wie weiter unten in Kapitel 9.8 beschrieben für einen Faktor einen Gesamttest mit der Hand ausrechnen. Hier soll `gee` (Paket `gee`) vorgestellt werden. Als

Basis dient wieder der umstrukturierte Datensatz winer518t (vgl. Abschnitt 5.1.2), in dem Geschlecht, Zeit und Vpn als Faktor deklariert sein müssen. Ein- und Ausgabe:

```
library(gee)
erg <- gee(score~Geschlecht*Zeit,id=Vpn,family=gaussian,data=winer518t)
summary(erg)
```

```
                   Estimate Naive S.E.  Naive z Robust S.E. Robust z
(Intercept)         4.26667   0.32829 12.99643    0.29364 14.53045
Geschlecht1         0.33333   0.32829  1.01535    0.29364  1.13519
Zeit.L             -2.40416   0.56862 -4.22804    0.52535 -4.57625
Zeit.Q             -0.16330   0.56862 -0.28718    0.49125 -0.33241
Geschlecht1:Zeit.L  0.56569   0.56862  0.99483    0.52535  1.07676
Geschlecht1:Zeit.Q -2.04124   0.56862 -3.58979    0.49125 -4.15514
```

Die Ausgabe enthält für beide Faktoren und die Interaktion lediglich Tests für die einzelnen Kontraste. Für den Messwiederholungsfaktor (hier Zeit) wird ein Test auf linearen (`Zeit.L`) bzw. quadratischen Trend (`Zeit.Q`) ausgegeben. Aus den z-Werten der Kontraste ergibt sich:

- Geschlecht: kein signifikanter Haupteffekt (z=`1.13519`).
- Zeit: χ^2 `= (-4.57625)^2 + (-0.33241)^2 = 21.05` ist signifikant bei FG=2.
- Interaktion: χ^2 `= (1.07676)^2 + (4.15514)^2 = 18.42` ist signifikant bei FG=2.

Hiernach besteht ein Unterschied zwischen den Zeitpunkten, der für Männer und Frauen unterschiedlich ausfällt.

Alternativ kann auch der Wald-Test mittels der Funktion `gee.anova` (vgl. Anhang 3) durchgeführt werden. Diese erwartet als Eingabe:

- die Koeffizienten: `erg$coefficients`
- die Kovarianzmatrix: `erg$"robust.variance"`
- die Freiheitsgrade für die 3 Tests (Geschlecht, Zeit, Geschlecht*Zeit): `1,2,2`
- die Anzahl der Fälle *n*: 10

```
gee.anova(erg.gee$coefficients,erg.gee$"robust.variance",c(1,2,2),n=10)
```

```
     df    Chi P.Chi     F   P.F nerror err.invert
1  1  1  1.289 0.256 1.289 0.286      0          0
2  2  2 14.131 0.001 7.066 0.017      0          0
3  3  2 19.060 0.000 9.530 0.008      0          0
```

Die 3 Ergebniszeilen entsprechen den Tests für die Effekte Geschlecht, Zeit und Geschlecht*Zeit. Während der χ^2-Test für größere Stichproben konzipiert ist, sollte der F-Test bei kleineren *n* angewandt werden. Zahlreiche Funktionen für die GEE-Modelle, so auch das hier benutzte `gee`, erlauben neben `family=gaussian` für metrische Daten alternativ auch `family=poisson` , eigentlich für den Fall, dass die abhängige Variable Häufigkeiten repräsentiert, der aber auch für den Fall ordinaler Variablen angewandt werden kann. Auf ein Beispiel dafür soll hier verzichtet werden.

mit SPSS:

SPSS bietet für die Analyse mit Messwiederholungen mittels der GEE-Methode die Prozedur GENLIN an. SPSS erwartet hier ausnahmsweise die Daten nicht in der „normalen“ Struktur (alle Werte pro Fall in einer Zeile), sondern in der für R typischen Form, in der die Werte jeder Messwiederholung in einer separaten Zeile angeordnet sein müssen, verbunden mit einer Fallidentifikation, hier `Vpn`, einer Variablen für den Messwiederholungsfaktor, hier `Zeit`, sowie einem Namen für die abhängige Variable, hier `score`. Die Umstrukturierung wird im Anhang 1.1 beschrieben. Nachfolgend zunächst die Eingabe:

```
GENLIN score  BY Geschlecht Zeit
/MODEL Geschlecht Zeit Geschlecht*Zeit
  DISTRIBUTION=NORMAL   LINK=Identity
/REPEATED SUBJECT=Vpn CORRTYPE = EXCHANGEABLE
/EMMEANS  TABLES = Zeit
  compare = Zeit
  contrast=repeated
/EMMEANS  TABLES = Geschlecht
  compare = Geschlecht
  contrast=pairwise.
```

Mittels der beiden `EMMEANS`-Befehle werden Einzelvergleiche durchgeführt und ein Gesamttest für den Faktor ausgegeben. Für den Messwiederholungsfaktor empfiehlt sich häufig die Option von „repeated“-Kontrasten (siehe Kapitel 9), für den Gruppierunsgfaktor wäre in diesem Fall der Befehl entbehrlich, da er nur 2 Gruppen hat. Nachfolgend zunächst der wesentliche Teil der Standardausgabe (Parameterschätzung mit Tests), danach die jeweilige Ausgabe der beiden `EMMEANS`-Befehle (Mittelwertvergleiche und Gesamttest) für Geschlecht und Zeit.

			95% Wald-Konfidenzintervall		Hypothesentest		
Parameter	Regressionskoeffizient B	Standard Fehler	Unterer Wert	Oberer Wert	Wald-Chi-Quadrat	df	Sig.
(Konstanter Term)	2,600	,7266	1,176	4,024	12,803	1	,000
[=1]	-,200	1,1027	-2,361	1,961	,033	1	,856
[=2]	0[a]	.	.	.	.	.	.
[Zeit=1]	4,200	,8672	2,500	5,900	23,457	1	,000
[Zeit=2]	-,200	,8672	-1,900	1,500	,053	1	,818
[Zeit=3]	0[a]	.	.	.	.	.	.
[=1] * [Zeit=1]	-1,600	1,0198	-3,599	,399	2,462	1	,117
[=1] * [Zeit=2]	4,200	,9121	2,412	5,988	21,202	1	,000
[=1] * [Zeit=3]	0[a]	.	.	.	.	.	.
[=2] * [Zeit=1]	0[a]	.	.	.	.	.	.
[=2] * [Zeit=2]	0[a]	.	.	.	.	.	.
[=2] * [Zeit=3]	0[a]	.	.	.	.	.	.
(Skala)	3,233						

Mittelwertvergleiche und Gesamttest) für Geschlecht:

Paarweise Vergleiche							
		Mittlere Differenz (I-J)	Standard Fehler	df	Sig.	95% Wald-Konfidenzintervall für die Differenz	
(I)	(J)					Unterer Wert	Oberer Wert
1	2	,67	,868	1	,443	-1,03	2,37
2	1	-,67	,868	1	,443	-2,37	1,03

Gesamttestergebnisse		
Wald-Chi Quadrat	df	Sig.
,590	1	,443

Mittelwertvergleiche und Gesamttest) für Geschlecht

Individuelle Testergebnisse					
Zeit Wiederholter Kontrast	Kontrastschätzer	Standard Fehler	Wald-Chi-Quadrat	df	Sig.
Niveau 1 vs. Niveau 2	1,50	,405	13,720	1	,000
Niveau 2 vs. Niveau 3	1,90	,456	17,356	1	,000

Gesamttestergebnisse		
Wald-Chi-Quadrat	df	Sig.
44,526	2	,000

Aus der ersten Tabelle Gesamttestergebnisse ist zu entnehmen, dass der Haupteffekt von Geschlecht nicht signifikant ist (p=,443), während die entsprechende Tabelle für Zeit einen signfikanten Effekt (p<0.001) anzeigt. Das Ergebnis für die Interaktion ist der Tabelle der Parameterschätzungen zu entnehmen: Aus den dort ausgewiesenen χ^2-Werten (2,462 und 21,202) wird die Summe 23,664 errechnet mit mittels der χ^2-Verteilung auf Signfikanz überprüft, wobei als Freiheitsgrade die Summe der entsprechenden Freiheitsgrade aus der Tabelle zu nehmen sind (hier also 1+1). Bei 5% Irrtumswkt beträgt der kritische Wert 5,99, so dass eine signifikante Interaktion nachgewiesen ist.

6. 10. 5 GLMM

In Kapitel 2.15 war darauf hingewiesen worden, dass die GLMM-Methode deutlich schwächere Voraussetzungen hat als die parametrische Varianzanalyse, die Anwendung allerdings problematisch ist, insbesondere wenn die Fallzahl nicht hinreichend groß ist. Ein Vorteil von GLMM ist, Datensätze mit fehlenden Werten verarbeiten zu können. Das Verfahren soll hier wiederum am Datensatz des Beispiels 4 demonstriert werden.

mit R:

In R gibt es u.a. die folgenden Funktionen für Analyse mit Messwiederholungen mittels der GLMM-Methode:

- `lmer` (Paket `lme4`)
- `glmmML` (Paket `glmmML`)
- `glmmPQL` (Paket `MASS`)

Hier soll die Funktion `lmer` vorgestellt werden, die zum einen am häufigsten empfohlen wird, und die zum anderen die Möglichkeit bietet, mittels der Funktion `Anova` (Paket `car`) für die Effekte varianzanalytische Tests auszugeben, u.a. den in Kapitel 9.8 erwähnten Typ II Wald-Test. Hier hilft die Funktion `nlminb` des Optimierungspaket `optimx` die in 2.15 beschriebene Schwierigkeiten beim Finden einer Lösung zu reduzieren. Als Basis dient wieder der umstrukturierte Datensatz winer518t (vgl. Abschnitt 5.1.2), in dem Geschlecht, Zeit und Vpn als Faktor deklariert sein müssen. Ein- und Ausgabe:

```
library(lme4)
library(optimx)
library(car)
erg <- lmer(score~Geschlecht*Zeit+(1|Vpn),data=winer518t,
+            control=lmerControl(optimizer="optimx",
+            optCtrl=list(method="nlminb")))
Anova(erg)
```

```
Analysis of Deviance Table (Type II Wald chisquare tests)

Response: score
                 Chisq Df Pr(>Chisq)
Geschlecht       0.4717  1     0.4922
Zeit            44.1013  2  2.652e-10 ***
Geschlecht:Zeit 34.0759  2  3.986e-08 ***
```

Auch für GLMM gibt es die Möglichkeit, ein Modell für Häufigkeiten oder ordinale abhängige Variablen zu analysieren. Dazu ist lediglich die Funktion `glmer` anstatt `lmer` aufzurufen, die diverse Verteilungsfamilien erlaubt, sowie die Optimierungsoptionen anzupassen:

```
erg.glm <- glmer(score~Geschlecht*Zeit+(1|Vpn),data=winer518t,
           family=poisson,
           control=glmerControl(optimizer="optimx",calc.derivs = F,
                   optCtrl=list(method="nlminb")))

Anova(erg)
```

```
Analysis of Deviance Table (Type II Wald chisquare tests)

Response: score
                 Chisq Df Pr(>Chisq)
Geschlecht       0.3422  1   0.558569
Zeit            13.3985  2   0.001232 **
Geschlecht:Zeit  9.2821  2   0.009648 **
```

mit SPSS:

In SPSS gibt es zwar die Prozedur GENLINMIXED für die GLMM-Methode, doch sie bricht häufig mit Fehlermeldungen ab, manchmal mit der Meldung, dass bei der Schätzung eine Matrix nicht „positiv definit“ ist, vielfach auch mit nicht näher spezifizierten Meldungen, sowohl bei den hier verwendeten kleinen Datensätzen als auch bei den meisten größeren mit einem n>100. Daher wird hier nur die Syntax aufgeführt. SPSS erwartet hier wie bei der GEE-Methode die Daten nicht in der „normalen“ Struktur (alle Werte pro Fall in einer Zeile), sondern in der Form, in der die Werte jeder Messwiederholung in einer separaten Zeile angeordnet sein müssen (vgl. vorigen Abschnitt zu GEE).

```
GENLINMIXED
/DATA_STRUCTURE SUBJECTS=Vpn
  REPEATED_MEASURES = Zeit
  GROUPING = Geschlecht
/FIELDS TARGET=score
/TARGET_OPTIONS DISTRIBUTION=normal LINK=identity
/FIXED  EFFECTS=Geschlecht
        USE_INTERCEPT=TRUE
/RANDOM EFFECTS=Zeit Geschlecht*Zeit
        USE_INTERCEPT=TRUE
        SUBJECTS=Vpn
        COVARIANCE_TYPE = COMPOUND_SYMMETRY
/BUILD_OPTIONS MAX_ITERATIONS = 500
/EMMEANS TABLES=Geschlecht
        COMPARE=Geschlecht.
```

Allerding ist die Ausgabe ohnehin recht dürftig und bietet keine varianzanalytischen Tests für die zu testenden Effekte:

Kovarianzparameter	**Residualeffekt**	6
	Zufällige Effekte	3
Designmatrixspalten	**Feste Effekte**	3
	Zufällige Effekte	10[a]
Gemeinsame Subjekte		10

Gemeinsame Subjekte beruhen auf den Subjektspezifikationen für den Residualeffekt und die zufälligen Effekte und dienen dazu, die Daten aufzuteilen, um eine bessere Leistungsfähigkeit zu erreichen.

[a]Dies ist die Anzahl an Spalten pro gemeinsamem Subjekt.

Zufälliger Effekt	Schätzung	Standardfehler	Z	Sig.	95% Konfidenzintervall	
					Unterer	Oberer
Var(Konstanter Term)	1,725	1,441	1,197	,231	0,336	8,869
Var(Zeit)	0,149	1,842	0,081	,936	0,000	5.184.973.019,340
Var(Geschlecht*Zeit)	17,000[a]					

Kovarianzstruktur:Varianzkomponenten
Subjektspezifikation:Vpn
[a]Der Parameter ist redundant.

Modellzusammenfassung

Ziel:

Wahrscheinlichkeitsverteilung		Normal
Verknüpfungsfunktion		Identität
Informationskriterium	**Akaike (korrigiert)**	155,556
	Bayes	157,546

Informationskriterien beruhen auf der -2 Log-Likelihood (127,556) und dienen zum Modellvergleich. Modelle mit kleineren Werten für Informationskriterien passen besser.

6. 11 Fazit

Auch hier gelten zunächst einmal die Ausführungen der Kapitel 4.5 und 5.5. Allerdings sind bei den gemischten Versuchsplänen noch Voraussetzungen hinzugekommen. Insbesondere setzen die Tests von Mauchly sowie von Box, die ja nur zur Prüfung von Voraussetzungen dienen, eigentlich multivariate Normalverteilungen der Messwiederholungsvariablen bzw. der Residuen voraus. An dieser Stelle möge man sich an die Bemerkungen des Kapitels 1.7. erinnern. R-Benutzer können diesem einfach mit dem in 6.8 behandelten ATS von Akritas, Arnold und Brunner, alternativ mit den beiden in 6.10 vorgestellten Verfahren begegnen. Diese Verfahren erfordern quasi keine Voraussetzungen. Der SPSS-Benutzer wird dagegen vielfach mit „Augen zu und durch“ handeln müssen.

Abschließend werden für die oben benutzten Datensätze die Ergebnisse aller Verfahren, und zwar die p-Werte für alle Effekte, in einer Tabelle gegenüber gestellt. Schließlich sollte man - wie schon oben gesagt - die hier erzielten Ergebnisse nicht verallgemeinern.

.Datensatz 4 (`winer518`) :

Verfahren	Geschlecht	Zeit	Interaktion
parametrisch	0.511	< 0.001	0.001
parametrisch - Greenhouse & Geisser		< 0.001	0.001
parametrisch - Huynh & Feldt		< 0.001	0.001
Rank transform Test (RT)	0.458	< 0.001	< 0.001
normal score (INT)	0.517	< 0.001	< 0.001
Aligned Rank Transform (ART)	0.171	< 0.001	< 0.001
ART+INT	0.670	0.0086	0.0163
Puri & Sen-Tests / Bredenkamp Tests	0.752	0.0084	0.0164
Puri & Sen-Tests mit Iman-Davenport-Korr.		0.0024	0.0048

Verfahren	Geschlecht	Zeit	Interaktion
van der Waerden	0.67	0.0086	0.0008
Akritas, Arnold & Brunner ATS	0.37	< 0.001	< 0.001
GEE	0,443	< 0.001	< 0.001
GLMM	0.257	0.012	0.012

Datensatz 6 (`winer568`):
(nicht alle Ergebnisse wurden in den vorangegangenen Kapiteln protokolliert.).

Verfahren	A	B	Zeit	A*B	A*Zeit	B*Zeit
parametrisch	0.100	0.018	< 0.001	0.810	< 0.001	0.002
Rank transform Test (RT)	0.106	0.021	< 0.001	0.688	< 0.001	0.009
normal scores (INT)	0.251	0.015	< 0.001	0.718	< 0.001	0.104
Aligned Rank Transform(ART)	0.106	0.021	< 0.001	0.894	< 0.001	0.002
ART+INT	0.288	0.123	< 0.001	0.837	0.6367	0.925
Puri & Sen-Tests / Bredenkamp Tests	0.227	0.015	< 0.001	0.809	0.650	0.921
Puri & Sen-Tests mit Iman-Davenport-Korr.			< 0.001		0.6982	0.935
van der Waerden	0.195	0.017	< 0.001	0.842	0.6405	0.926
Akritas, Arnold & Brunner ATS	0.069	0.004	< 0.001	0.677	< 0.001	0.008

Der eklatante Unterschied der Puri & Sen- und der van der Waerden-Tests gegenüber den anderen Verfahren hinsichtlich der Interaktionen A*Zeit und B*Zeit ist auf die geringe Residuenstreuung der Messwiederholungseffekte zurückzuführen. Diese geht bei der dort vorgenommenen Rangbildung zum Teil verloren.

7. Analysen für dichotome Merkmale

Für dichotome abhängige Variablen gibt es grundsätzlich zwei Möglichkeiten zur Durchführung einer Varianzanalyse: die oben beschriebenen Verfahren oder die weiter unten angeführte logistische Regression (siehe Kapitel 8.1).

Beispieldatensatz 7 (irish):

Hier wurden 1107 irische Schulkinder zu ihrer Einstellung und Gebrauch der irischen Sprache befragt. Erhoben wurden u.a.:

Variablenname	Bedeutung	Ausprägungen
(school) type	Schultyp	1=secondary (Gymnasium) 2=community (Mischung aus Gymn. und Berufsschule) 3=vocational (Berufsschule)
(school) location	Lage	1=urban (städtisch) 2=rural (ländlich)
sex	Geschlecht	1=male 2=female
income	Einkommen	1=high 2=medium 3=low
vocabula	Vokabular	1=bad 2=poor 3=good 4=excellent
usage	Nutzung	1=never 2=little 3=regular
attitude	Einstellung	1=negative 2=neutral 3=positive

Diesen Daten liegt kein Versuchsplan zugrunde, wie sonst vielfach bei Varianzanalysen. D.h. die Daten wurden erhoben, ohne dass darauf geachtet wurde, dass die Gruppierungsvariablen (Schultyp, Schullage und Geschlecht) orthogonal zueinander oder zumindest unabhängig voneinander sind. Dies erschwert Varianzanalysen insofern, als dass zum einen die Effekte nicht unabhängig voneinander sind und zum anderen die Hinzunahme z.B. von Interaktionseffekten die Tests der anderen Effekte deutlich beeinflusst und somit keine klare Interpretation der Effekte möglich ist. Konkret: Geschlecht und Schultyp sowie Schultyp und Einkommen sind voneinander abhängig. Da nicht orthogonale Faktoren aber bei Untersuchungen häufig der Fall sind, wurde dieser Datensatz bewusst als Gegenstück zu den bislang vorgestellten ausgewählt, die allesamt Versuchspläne beinhalten.

Die Daten wurden früher als Beispieldatensatz mit SPSS ausgeliefert. Die primäre Herkunft der Daten lässt sich nicht mehr klären.

Beispieldaten 8 (koch):

Bei diesem Datensatz handelt es sich um klinische Daten von 340 Patienten, die in ein Krankenhaus eingeliefert worden waren. Zu Beginn wurden die Leiden der Patienten in leicht (0) und schwer (1) klassifiziert (Faktor `severity`). Ein Teil der Patienten wurde daraufhin behandelt (Faktor `treat`). Anschließend wurden alle im Abstand von mehreren Tagen dreimal untersucht (Faktor `time`). Dabei wurde eine Person entweder als krank (0) oder normal (1) eingestuft (Variable `outcome`). Der Datensatz stammt von Koch et al. (1977) und umfasst eigentlich noch weitere Informationen, wie z.B. Behandlungen zwischen den Untersuchungsterminen. Deren Analyse würde jedoch eine Kovarianzanalyse erfordern. Daher werden diese hier nicht berücksichtigt. Im „Original“ liegt der Datensatz „umstrukturiert“ vor, d.h. die Werte der 3 Zeitpunkte als jeweils 3 Fälle. Nachfolgend ein Auszug:

	case_id	severity	treat	outcome	time013	t013trea	time012	t012trea
1	1	0	0	1	0	0	0	0
2	1	0	0	1	1	0	1	0
3	1	0	0	1	3	0	2	0
4	2	0	0	1	0	0	0	0
5	2	0	0	1	1	0	1	0
6	2	0	0	1	3	0	2	0
7	3	0	0	1	0	0	0	0
8	3	0	0	1	1	0	1	0
9	3	0	0	1	3	0	2	0
10	4	0	0	1	0	0	0	0

In der Standardform für Messwiederholungen sehen die ersten Fälle folgendermaßen aus:

	case_id	severity	treat	outcome.0	outcome.1	outcome.2
1	1	0	0	1	1	1
2	2	0	0	1	1	1
3	3	0	0	1	1	1
4	4	0	0	1	1	1
5	5	0	0	1	1	1

7. 1 Anwendung der Verfahren für metrische Merkmale

Dichotome Merkmale verhalten sich vielfach wie metrische Merkmale. Simulationen haben gezeigt, dass man dichotome Variablen bei größeren Fallzahlen vielfach genauso handhaben kann wie metrische Variablen. So auch bei der Varianzanalyse (vgl. dazu Cochran, W.G., 1950 und Lunney, G.H., 1970.) Danach werden sowohl α-Level wie auch β eingehalten. Für das erforderliche *n* gilt: Liegen die relativen Häufigkeiten der beiden Ereignisse über 0,2, so genügen 20 Freiheitsgrade für den Fehlerterm, andernfalls sind mindestens 40 Freiheitsgrade erforderlich. Die Untersuchungen betrafen allerdings nur Versuchspläne mit gleichen Zellenbesetzungszahlen und Tests des Null-Modells, also ohne Effekte anderer Faktoren. D'Agostino (1971) sowie Cleary & Angel (1984) haben die Untersuchungen von Lunney zwar bestätigt, allerdings etwas abgeschwächt mit der Bedingung, dass die relativen Häufigkeiten *p* zwischen 0,25 und 0,75 liegen sollten, da andernfalls die Varianzen zu unterschiedlich werden können. Hierbei sei daran erinnert, dass ungleiche Varianzen durch ungleiche relative Häufigkeiten der abhängigen Variablen in den einzelnen Gruppen zustande kommen, da bei einem dichotomen Merkmal Mittelwert, also relative Häufigkeit, und Varianz über $s^2=p(1-p)$ zusammenhängen. Dieses wirkt sich allerdings erst bei $p<0.25$ bzw. $p>0.75$ aus. Bogard (2011) hat die wichtigste Literatur zu diesem Thema mit Zitaten zusammengestellt. Erstaunlicherweise gibt es hierzu kaum neuere Ergebnisse bzw. Veröffentlichungen. Im Gegensatz zur u.a. Logistischen Regression kann diese Vorgehensweise auch bei Messwiederholungen angewandt werden.

Eigene Simulationen (Lüpsen, 2018) haben gezeigt, dass es doch eine Reihe von Situationen gibt, bei denen der Fehler 1. Art nicht mehr eingehalten wird. Zunächst das Positive: Solange die relativen Häufigkeiten *p* der abhängigen Variablen zwischen 0,25 und 0,75 liegen oder die Zellenbesetzungszahlen gleich sind, ist wenig zu befürchten. Lediglich bei gemischten Ver-

suchsplänen kann es vereinzelt zu leicht erhöhten Fehlerraten kommen, aber nur bei p~0.1 wenn die Korrelationen der Messwiederholungsvariablen deutlich unterschiedlich sind. Liegt p außerhalb des Intervalls [0.25 , 0.75] und sind die Zellenbesetzungszahlen ungleich, wird es schwieriger. In Versuchsplänen ohne Messwiederholungen ist die L Statistik von Puri & Sen die bessere Wahl, zumal die Power annähernd mit der des F-Tests identisch ist. Diese Wahl gilt auch generell für große Designs, mit etwa 15-20 Zellen oder mehr. In gemischten Versuchsplänen ist die Wahl des Verfahrens vom zu testenden Effekt abhängig: Für den Gruppierungsfaktor kann die „normale" Varianzanalyse angewandt werden, da wie schon früher erwähnt, dieser von der Spherizität, also der Variazninhomogenität, nicht betroffen ist, für alle Effekte, die einen Messwiederholungsfaktor beinhalten, also z.B. die Interaktion, ist der ATS die erste Wahl. Dieser hat zwar eine deutlich geringere Power (bis zu 50% Verlust), aber es ist das einzige Verfahren, das bei ungleichen n_i und Vorliegen von Varianzinhomogenitäten die Fehlerrate unter Kontrolle hält. Falls dieser nicht verfügbar ist, kann ersatzweise der in Kapitel 6.10.1 vorgestellte multivariate Test von Hotelling-Lawley, alternativ auch die parametrische Analyse mit der Huynh-Feldt-Korrektur benutzt werden, die zwar beide relativ liberal sind, insbesondere beim Test der Interaktion, dafür aber eine relativ große Power besitzen. Das gute Abschneiden der beiden zuletzt genannten Verfahren bei dichotomen abhängigen Variablen in gemischten Designs erklärt sich daraus, dass diese keine Spherizität voraussetzen (vgl. Kapitel 6.10).

Tests auf Homogenität der Varianzen bzw. auf Spherizität im Fall von Messwiederholungen entfallen hier, da die Varianzen *p(1-p)* sich aus den Mittelwerten p errechnen lassen.

7. 1. 1 Unabhängige Stichproben

An dieser Stelle soll ein Beispiel gerechnet werden, und zwar für den Datensatz 7. Als Kriteriumsvariable wird `vocabula` gewählt, allerdings dichotomisiert: 0=(1/bad, 2/poor) und 1=(3/good, 4/excellent). Als Faktoren: Geschlecht, Schultyp und Einkommen. Wegen der Problematik der Abhängigkeit der Faktoren, auf die bei der Beschreibung des Datensatzes kurz aufmerksam gemacht wurde, wird zum einen eine 2-faktorielle Varianzanalyse mit den Faktoren `sex` und `income` durchgeführt, da diese voneinander unabhängig sind. Der Einfluss von `type` wird wegen der Abhängigkeit von `sex` und `income` separat untersucht, wenn auch der Effekt des Schultyps vom Geschlecht und Einkommen ein wenig mitbeeinflusst wird. Die Interaktionen `sex*type` und `income*type` machen wegen der Abhängigkeit keinen Sinn. Die relativen Häufigkeiten des Kriteriums liegen mit 0,21 bzw. 0,68 im geforderten Bereich.

mit R:

Zunächst muss die 4-stufige abhängige Variable `vocabula` dichotomisiert werden (Variable `dvocabul`), bevor „wie gewohnt" mit `aov` und `drop1` die parametrische Varianzanalyse darauf angewandt wird:

```
irish <- within(irish,dvocabul<-as.integer(vocabula)>2)
options (contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
drop1(aov(dvocabul~sex*income,irish), ~. ,test="F")
drop1(aov(dvocabul~type,irish), ~. ,test="F")
```

mit folgendem Ergebnis für die Analyse der Effekte von `sex` und `income`:

```
           Df Sum of Sq    RSS     AIC F value    Pr(>F)
<none>                  262.58 -1580.8
sex         1    0.6298 263.21 -1580.2  2.6408    0.1044
income      2   12.5531 275.13 -1533.1 26.3175 6.843e-12 ***
sex:income  2    0.4187 263.00 -1583.0  0.8777    0.4160
```

sowie für die Analyse des Effekts von `type` :

```
       Df Sum of Sq    RSS     AIC F value    Pr(>F)
<none>              261.52 -1591.3
type    2    15.009 276.53 -1533.5   31.68 4.186e-14 ***
```

mit SPSS

Zunächst muss die 4-stufige abhängige Variable `vocabula` dichotomisiert werden (Variable `dvocabul`), bevor „wie gewohnt“ mit `Unianova` die parametrische Varianzanalyse darauf angewandt wird.

```
compute  dvocabula=vocabula gt 2.
Unianova dvocabula by Sex Income
   /Design = Sex Income Sex*Income.
Unianova dvocabula by Type
   /Design = Type.
```

Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
sex	,630	1	,630	2,641	,104
income	12,553	2	6,277	26,317	,000
sex * income	,419	2	,209	,878	,416
Fehler	262,581	1101	,238		

type	15,009	2	7,505	31,680	,000
Fehler	261,524	1104	,237		

7. 1. 2 Gemischte Versuchspläne

Gemäß den eingangs gemachten Empfehlungen werden zur Varianzanalyse 2 verschiedene Methoden angewandt: die „normale“ zum Test der Haupteffekte und entweder das ATS-Verfahren zum Test der Messwiederholungseffekte, oder ersatzweise die multivariate Varianzanalyse. Als Beispiel wird hier der Datensatz 8 von Koch verwendet, der zum einen eine dichotome abhängige Varaible (`outcome`) und zum anderen 2 Gruppierungsfaktoren (`severity` und `treat`) sowie einen Messwiederholungsfaktor (`time`) beinhaltet. `outcome` hat mit 48 bzw. 52 Prozent ideale relative Häufigkeiten. Der Mauchly-Test auf Varianzhomogenität (genauer Spherizität) entfällt hier wie oben bereits erläutert. Damit erübrigen sich auch die in Kapitel 5.1 erwähnten robusten Tests von Huynh & Feldt bzw. Greenhouse & Geisser.

mit R:

Der Datensatz muss zwar nicht umstrukturiert werden, jedoch die Variablen `severity`, `treat, time012` sowie `case_id` als Faktoren deklariert werden. Darüber hinaus muss gegebenenfalls `outcome` über `as.numeric` numerische Werte erhalten. Zunächst erfolgt die „normale“ Varianzanalyse zum Test der Effekte der Gruppierungsfaktoren `severity` und `treat`, hier einmal über `ezANOVA`, wobei zu beachten ist, dass wegen ungleicher Zellenbesetzungszahlen über `type=3` die Quadratsummen vom Typ III angefordert werden müssen:

```
ezANOVA (koch, outcome, case_id, between=.(severity,treat),
                within=time012, type=3)
```

```
                  Effect DFn DFd           F            p
2               severity   1 336 90.89621790 3.166354e-19
3                  treat   1 336 40.81026220 5.591147e-10
5                 time012   2 672 60.68707191 5.908176e-25
4          severity:treat   1 336  0.09022516 7.640769e-01
6        severity:time012   2 672  2.68142786 6.919789e-02
7           treat:time012   2 672 12.79599590 3.515413e-06
8 severity:treat:time012   2 672  0.41843893 6.582447e-01
```

```
`Sphericity Corrections`
                  Effect       GGe        p[GG]       HFe        p[HF]
                 time012 0.9981284 6.503010e-25  1.004088 5.908176e-25
       severity:time012 0.9981284 6.930510e-02  1.004088 6.919789e-02
          treat:time012 0.9981284 3.577777e-06  1.004088 3.515413e-06
 severity:treat:time012 0.9981284 6.578639e-01  1.004088 6.582447e-01
```

Für den Test der Effekte der Messwiederholungsfaktoren wird noch das ATS-Verfahren (vgl. auch 6.8) eingesetzt:

```
nparLD(outcome~severity*treat*time012,koch,koch$case_id)$ANOVA.test
```

```
                         Statistic       df      p-value
severity              90.52414737 1.000000 1.827331e-21
treat                 40.64321129 1.000000 1.827209e-10
time012               62.50376884 1.999345 7.297548e-28
severity:treat         0.08985584 1.000000 7.643605e-01
severity:time012       2.76169770 1.999345 6.320280e-02
treat:time012         13.17905024 1.999345 1.895950e-06
severity:treat:time012  0.43096510 1.999345 6.498157e-01
```

In diesem Fall decken sich allerdings die Ergebnisse für die 4 Effekte, bei denen `time012` involviert ist, zum einen bei den Huynh-Feldt-Tests (p[HF]) der parametrischen Analyse, zum anderen bei dem ATS-Verfahren.

mit SPSS:

Gemäß den eingangs gemachten Empfehlungen wird für die Effekte der Gruppierungsfaktoren eine „normale“ Varianzanalyse und für die Effekte der Messwiederholungsvariablen ersatzweise Hotelling-Lawley‘s multivariater Test angewandt. Für eine Varianzanalyse mit Messwiederholungen muss der Datensatz in die entsprechende Form umstrukturiert werden (vgl. Anhang 1.2), wobei die Messwiederholungsvariablen `outcome.0,outcome.1,outcome.2` entstehen. Die Syntax für die Anova lautet dann:

```
GLM outcome.0 outcome.1 outcome.2 BY severity treat
  /WSfactor=Zeit 3 Polynomial
  /WSdesign=Zeit
  /Design=severity treat severity*treat.
```

Nachfolgend zunächst die Tabelle für die Effekte der Gruppierungsfaktoren `severity` und `treat`, danach die Tabelle der Effekte mit dem Faktor `Zeit`, wobei die Zeile mit den Huynh-Feldt-adjustierten Werten von Interesse ist, sowie die multivariaten Tests, die den Huynh-Feldt-Tests vorzuziehen ist:

Tests der Zwischensubjekteffekte					
Quelle	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Konstanter Term	296,013	1	296,013	1510,983	,000
severity	17,807	1	17,807	90,896	,000
treat	7,995	1	7,995	40,810	,000
severity * treat	,018	1	,018	,090	,764
Fehler	65,825	336	,196		

Tests der Innersubjekteffekte						
Quelle		Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Huynh-Feldt	23,844	2	11,922	60,687	,000
Zeit * severity	Huynh-Feldt	1,054	2	,527	2,681	,069
Zeit * treat	Huynh-Feldt	5,028	2	2,514	12,796	,000
Zeit * severity * treat	Huynh-Feldt	,164	2	,082	,418	,658
Fehler(Zeit)	Huynh-Feldt	132,017	672	,196		

Schließlich die Tabelle der multivariaten Tests von Hotelling-Lawley zur Beurteilung der Effekte des Messiwederholungsfaktors Zeit, die sich weitgehend mit denen der o.a. Huynh-Feldt-Tests decken:

Effekt	Wert	F	Hypothese df	Fehler df	Sig.
Zeit	,269	61,789[b]	2,000	335,000	,000
Zeit * severity	,016	2,660[b]	2,000	335,000	,071
Zeit * treat	,073	13,184[b]	2,000	335,000	,000
Zeit * severity * treat	,003	,429[b]	2,000	335,000	,652

7. 2 Anwendung der Verfahren für ordinale Merkmale

Zur 1-faktoriellen Varianzanalyse eines dichotomen Merkamls verwendet man üblicherweise den χ^2-Test im Fall eines Gruppierungsfaktors bzw. Cochrans Q-Test im Fall eines Messwiederholungsfaktors. Diese Tests sind aber nichts anderes als der Kruskal-Wallis H-Test bzw. die Friedman-Varianzanalyse, wenn man bei diesen die ordinale Variable nur zwei Werte annehmen lässt und die Bindungskorrekturen verwendet. Somit lassen sich trivialerweise die in den Kapiteln 4.3.5, 5.3.4 und 6.4 beschriebenen Puri & Sen-Tests auf dichotome Merkmale anwenden.

Ferner weisen Akritas, Arnold und Brunner (1997) und Akritas, Arnold & Brunner (1997) ausdrücklich darauf hin, dass ihre ATS (Anova type statistic) nicht nur für ordinale, sondern auch für dichotome Merkmale anwendbar sind. Im Gegensatz zur u.a. Logistischen Regression können diese Methoden auch bei Messwiederholungen angewandt werden.

Auf Beispiele soll hier verzichtet werden, da die Anwendung dieser Verfahren in den vorangegangenen Kapiteln ausführlich beschrieben wurde.

8. Logistische Regression

8. 1 dichotome abhängige Variablen

Die bekannteste logistische Regression ist die *binär-logistische Regression*, bei der ein Modell mit einer dichotomen (d.h. binären) abhängigen Variablen y (mit Werten 0 und 1) und *v* Prädiktoren x_1,x_2,..,x_v aufgestellt wird. Typischerweise ist dabei die abhängige Variable nicht y selbst, sondern $P(y=1)$, d.h. die Wahrscheinlichkeit, dass y den Wert 1 annimmt. Dadurch ist der Wertebereich der Funktion das komplette Intervall [0,1]:

$$P(y = 1) = \frac{e^{b_0 + b_1 x_1 + \ldots + b_v x_v}}{1 + e^{b_0 + b_1 x_1 + \ldots + b_v x_v}}$$

Für die unabhängigen Variablen (Prädiktoren) gelten die üblichen Bedingungen, d.h. für nominale Prädiktoren müssen Kontrastvariablen gebildet werden.

Zum weiteren Verständnis im Kontext der Varianzanalyse ist es an dieser Stelle nicht erforderlich, auf dieses Modell näher einzugehen. Die logistische Regression ist inzwischen soweit etabliert, dass sie in vielen einführenden Statistik-Lehrbüchern beschrieben wird. Eine Einführung bieten z.B. Diaz-Bone & Künemund (2003) oder auch Wikipedia.

Allerdings ist an dieser Stelle noch nicht die Beziehung zur Varianzanalyse direkt erkennbar. Dazu sei angemerkt, dass die (parametrische) Varianzanalyse nichts anderes als eine lineare Regression mit nominalen Prädiktoren ist, nämlich den Faktoren, die wie oben angedeutet in Kontrastvariable transformiert werden. Und wenn genau diese Transformation bei der binären oder ordinalen logistischen Regression angewandt wird, erhält man ein Modell für eine dichotome oder ordinale Varianzanalyse. Hierbei gibt es jedoch einen Stolperstein: Für die Transformation der nominalen Faktoren in Kontraste gibt es zahlreiche Lösungen (vgl. Kapitel 9.1.2), die allerdings hinsichtlich der Tests der einzelnen Kontraste nicht immer zu demselben Ergebnis führen. Hinzu kommt, dass zunächst einmal, wie bei der Regression üblich, der Effekt jeder einzelnen Kontrastvariablen separat getestet wird. Einige Programme, insbesondere der binär-logistischen Regression ohne Messwiederholungen, fassen allerdings die Tests für die Kontrastvariablen eines Faktors zu einem Gesamtergebnis zusammen, z.B. mit dem Wald-Test (vgl. Kapitel 9.8), woraus der Effekt dieses Faktors zu entnehmen ist. Wünschenswert wäre, dass dieser globale Effekttest von dem gewählten Kontrasttyp unabhängig ist. Doch das ist nur beim 1-faktoriellen Modell sowie bei einer 2-faktoriellen Analyse für die Interaktion der Fall. Die Wahl der Kontraste bietet zwar eine Reihe von Möglichkeiten, auf die allerdings in diesem Kontext nicht eingegangen werden soll. Für die hier im Fokus stehenden varianzanalytischen Fragestellungen wird empfohlen, sofern nicht anders vermerkt, für alle Faktoren die Kontraste zu wählen, die man in R mittels `contr.sum` bzw. in SPSS über `deviation` (vgl. Kapitel 9.2 sowie 3.1) erhält. Andernfalls läuft man Gefahr, Ergebnisse falsch zu interpretieren.

Ein Nachteil gegenüber den o.a. varianzanalytischen Verfahren liegt in der nicht immer befriedigenden Möglichkeit zur Behandlung von Messwiederholungen. Auf der anderen Seite gibt es die Möglichkeit zur Verarbeitung von Versuchsplänen mit leeren Zellen. Wie auch insgesamt die Logistische Regression relativ liberal hinsichtlich der Voraussetzungen ist. Schaut man in die Literatur, so sucht man vergebens nach „handfesten“ Voraussetzungen, obwohl die zur Lösung eingesetzte Maximum-Likelihood-Methode sehr sensibel ist. (So kann es durchaus vorkommen, dass keine Lösung gefunden werden kann, weil die mathematische Schätzmethode nicht konvergiert. Das liegt an der mathematischen „Kondition“. Denn im Gegensatz zur Varianzanalyse wird die Lösung der Logistischen Regression nicht „direkt“ errechnet, sondern über

ein Iterationsverfahren näherungsweise gefunden. Oder aber auch nicht.) Um Probleme zu vermeiden, sind nur zwei Dinge zu beachten:

- ein hinreichend großer Stichprobenumfang *n*, mindestens 10 pro Prädiktor bzw. geschätztem Parameter (wobei die Empfehlungen, sofern erwähnt, zum Teil stark divergieren). Da bei der Varianzanalyse ein Faktor als nominal skalierte Variable mit *I* Merkmalsausprägungen in *(I-1)* Kontrastvariable transformiert und für die Interaktionen auch deren Produkte als Prädiktoren verwendet werden, bedeutet das für das *n*: ca. 10*(Anzahl der Zellen).
- ein „vernünftiges" Modell, d.h. u.a. ohne überflüssige (nicht erklärende) und ohne kollineare Variablen. Diese Forderung erübrigt sich allerdings beim Einsatz als Varianzanalyse.

Mit der logistischen Regression sind i.a. drei Signifikanztests verbunden:

- Ein Test des gesamten Modells, d.h. aller Effekte zusammen, über einen χ^2-Test des log likehood-Wertes. Sind Effekte der Faktoren vorhanden, so sollte dieser Test signifikant sein.
- Ein „klassischer" χ^2-Anpassungstest des Modells, der also prüft, in wieweit die Daten mit dem Modell vereinbar sind. Dieser sollte nicht signifkant sein.
- Die Signifikanzüberprüfung eines Regressionskoeffizienten (auf Verschiedenheit von 0) oder eines Effekts über die Wald-Statistik mittels des χ^2-Tests.

Bei der binär-logistischen Regression wird zunächst für jeden Regressionskoeffizienten bzw. Kontrast ein Wald-Test automatisch ausgegeben, womit man noch kein Ergebnis für einen varianzanalytischen Effekt hat. Hierzu dienen die in Kapitel 9.8 besprochenen Wald- und LR-Tests. Bei der ordinalen Regression müssen die Wald-Tests recht aufwändig angefordert werden. Da kann es nützlich sein, über die Modell-Tests vorab zu erfahren, ob dieser Aufwand überhaupt erforderlich ist.

Hierbei wird darauf hingewiesen, dass der LR-Test bei kleinem $n_i \leq 10$ sowie beim Test der Interaktion sehr liberal reagiert (mit Fehlerraten bis zu 20%), während der Wald-Test sich in solchen Fällen sehr konservativ verhält. Dem kann man begegnen, indem die χ^2-Werte beider Tests gemittelt werden und dann dieser Mittelwert, der bei 1 FG χ^2-verteilt ist, per Hand auf Signifikanz überprüft wird. Darüberhinaus verletzen beide Tests das α-Risiko für den Test eines Haupteffekts, wenn ein Interaktionseffekt vorhanden ist. Hier steigt die reale Fehlerrate sogar bis auf 30-40% bei einem n=50. Dies macht die logistische Regression zur Durchführung von Varianzanalysen unattraktiv (vgl. Lüpsen, 2018).

Als Beispiel wird hier wie in Kapitel 7.1.1 der Datensatz 7 mit `dvocubul`, der dichotomisierten Variable `vocubula` (Wortschatz), als abhängige Variable verwendet. Mit Hilfe der Logistischen Regression können allerdings alle drei Einflussfaktoren simultan untersucht werden, was die Interpretation der Effekte nicht gerade vereinfacht. Allerdings werden die Interaktionen `sex*type` und `income*type` auch hier weggelassen, die die beteiligten Faktoren nicht unabhängig voneinander sind. Für die oben angesprochene Transformation der Faktoren in Kontrastvariablen wird hier, wie in der Varianzanalyse üblich, die Effekt-Kodierung („Deviation") vorgenommen. Mit dem Test eines Kontrasts wird dann die Abweichung der entsprechenden Ausprägung vom Mittelwert getestet. Alternativ könnten auch die einfache Kodierung gewählt werden, bei der Unterschiede einer Ausprägung zur letzten Ausprägung getestet werden. Die Anzahl von Zellen beträgt 36, so dass ein *n* von ca. 360 wünschenswert ist, was mit 1107 mehr als erfüllt ist.

mit R:

Zur Logistischen Regression bietet R u.a. die Funktion `glm` an. Hierbei ist die Angabe der Verteilungsfamilie `binomial` als Fehlerverteilung erforderlich, um das logistische Regressionsmodell zugrunde zu legen. Die oben angesprochene Effekt-Kodierung der Faktoren wird hier über den Parameter `contr.sum` der `options`-Anweisung vorgenommen. Die `Anova`-Funktion (Paket `car`) erlaubt hier die Ausgabe einer Anova-Tabelle:

```
options(contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
irish.glm <- glm(dvocabul~sex+income+type+sex:income,
            family=binomial, irish)
Anova(irish.glm, test="Wald", type="III")
```

```
            Df   Chisq Pr(>Chisq)
(Intercept)  1  9.9765   0.001586 **
sex          1  0.3529   0.552462
income       2 19.7510  5.142e-05 ***
type         2 38.3248  4.763e-09 ***
sex:income   2  1.8746   0.391690
```

Fordert man über `summary(..)` eine Zusammenfassung der Ergebnisse, erhält man eine Tabelle der Einzelvergleiche, bei denen jeweils eine Stufe eines Faktors gegen den Mittelwert verglichen wird:

```
             Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -0.74771    0.23672  -3.159 0.001586 **
sex1          0.19568    0.32939   0.594 0.552462
income1       0.93233    0.27527   3.387 0.000707 ***
income2       0.14968    0.26591   0.563 0.573507
type1         0.27648    0.10134   2.728 0.006365 **
type2         0.65142    0.11727   5.555 2.78e-08 ***
sex1:income1 -0.05088    0.39064  -0.130 0.896375
sex1:income2  0.30780    0.37303   0.825 0.409304
```

mit SPSS:

Die Logistische Regression ist in SPSS über das Menü „Regression -> binär logistisch..." erreichbar. Nominale Prädiktoren, also Faktoren, müssen in der Menü-Oberfläche als „kategorial" vereinbart werden. Hierbei bietet SPSS die Möglichkeit, für jeden Faktor die Kontraste individuell zu wählen. Meistens empfiehlt es sich, den Typ „Deviation" zu wählen, da dann die Tests, die für alle Stufen (bis auf die letzte) ausgegeben werden, die Abweichungen der jeweiligen Kategorie vom Mittelwert überprüfen. Interaktionen müssen explizit angefordert werden. Die Syntax für die Analyse lautet:

```
compute  dvocabula=vocabula gt 2.
Logistic regression variables=dvocabula
  /method = enter Sex Income Type Sex*Income
  /contrast(Sex)     =Deviation
  /contrast(Income)  =Deviation
  /contrast(Type)    =Deviation
```

	Regr.koeff B	Standardfehler	Wald	df	Sig.	Exp(B)
sex(1)	,141	,073	3,764	1	,052	1,151
income			27,460	2	,000	
income(1)	,503	,096	27,308	1	,000	1,654
income(2)	-,100	,088	1,284	1	,257	,905
type			38,325	2	,000	
type(1)	,276	,101	7,444	1	,006	1,318
type(2)	,651	,117	30,854	1	,000	1,918
income * sex			1,875	2	,392	
income(1) by sex(1)	-,068	,094	,524	1	,469	,934
income(2) by sex(1)	,111	,088	1,589	1	,208	1,117
Konstante	-,246	,092	7,187	1	,007	,782

Oben die Ergebnistabelle für alle Effekte, in der sowohl die globalen Tests als auch die der einzelnen Kontraste (Variablennamen mit (..)), den Einzelvergleichen der (*K-1*) ersten Stufen eines Faktors gegen den Mittelwert (aller Stufen), enthalten sind.

8. 2 ordinale abhängige Variablen

Das Modell der binär-logistischen Regression lässt sich in ein Modell für eine ordinale abhängige Variable y verallgemeinern, indem nicht mehr $P(y=1)$, sondern $P(y \le j)$ als die abhängige Variable verwendet wird, mit $j=1,...,m$, wenn m die Anzahl der Merkmalsausprägungen von y ist:

$$P(y \le j) = \frac{e^{b_{0j} + b_{1j}x_1 + \ldots + b_{vj}x_v}}{1 + e^{b_{0j} + b_{1j}x_1 + \ldots + b_{vj}x_v}}$$

(v ist wieder die Anzahl der Prädiktoren.) Während bei der binär-logistischen Regression nur eine Modellgleichung aufgestellt wird, sind es bei der ordinalen $m-1$ Modellgleichungen. D.h. es müssten $(m-1)*v$ Parameter geschätzt werden. Dieses Modell wird üblicherweise vereinfacht, indem für jeden Prädiktor i ($i=1,...,v$) die Koeffizienten der jeweiligen Merkmalsausprägungen als gleich angenommen werden: $b_{i1}=b_{i2}=...=b_{i(m-1)}$. Dies Modell heißt dann *proportional odds model*.

Zu den Voraussetzungen der dichotomen logistischen Regression kommt im Falle ordinaler Kriteriumsvariablen allerdings erschwerend die Anzahl der Ausprägungen von y hinzu, weil sich dadurch die Anzahl der Zellen vervielfacht. Daher ist dieses Verfahren i.a. nur für abhängige Variablen y mit 3 bis 5 Ausprägungen empfehlenswert.

Wie kann man sich die Bedingung gleicher Regressionskoeffizienten vorstellen? Dazu ein Beispiel: Eine Aufgabe wird mit Schulnoten 1 bis 6 beurteilt, und es soll der Einfluss von Geschlecht und Alter untersucht werden. Hinsichtlich des Geschlechts besagt die Bedingung: Wenn sich Mädchen und Jungen bei guten Noten (1 und 2) unterscheiden, dann unterscheiden sie sich auch bei guten bis mittleren Noten (1 bis 3) sowie bei guten bis schwachen (1 bis 4). Oder umgekehrt: wenn sie sich in einer Gruppe nicht unterscheiden, dann auch in keiner anderen. Die Gleichheit der Koeffizienten geht sogar noch soweit, dass die Mädchen-Jungen-Unterschiede in allen Notengruppen gleich groß sind. Ähnlich verhält es sich mit dem Alter. Wenn mit zunehmendem Alter die Wahrscheinlichkeit für eine gute Note steigt, dann gilt das ebenso für die Wahrscheinlichkeit einer guten bis mittleren Note oder einer nicht schlechten Note (1 bis 4).

Für die Anwendung des *proportion odds model* muss allerdings die Gleichheit der Koeffizienten mit den Daten vereinbar sein. Das wird mit dem „Parallelitätstest für Linien“ (*parallel lines test*) überprüft. Bei diesem werden die Abweichungen (ähnlich den Residuen) beider Modelle (einmal mit gleichen und einmal mit individuellen Koeffizienten) verglichen. Fällt dieser signifikant aus, bedeutet dies zunächst, dass die individuellen Koeffizienten eine signifikante Verbesserung der Anpassung erbringen. Das heißt aber, dass das vereinfachte Regressionsmodell nicht angewandt werden kann. Um diesen Test durchzuführen, müssen allerdings alle (*m-1*)*v* Parameter geschätzt werden, was ein hinreichend großes *n* erfordert. R bietet allerdings mit der Funktion `vglm` im Paket `VGAM` auch eine Lösung des o.a. Modells, bei dem die Gleichheit der Koeffizienten nicht gefordert wird.

Wenn für den Test ohnehin schon das Modell mit den individuellen Koreffizienten geschätzt werden muss, dann könnte man ja einfach damit anstatt mit dem vereinfachten Modell arbeiten. Nur: man hat dann eine riesige Anzahl von Koeffizienten, die einzeln kaum interpretierbar sind. Für einen Faktor mit *I* Gruppen (Stufen) resultieren alleine (*I-1*)(*m-1*) Koeffizienten. Daher ist man bestrebt, das Modell mit gleichen Koeffizienten zu wählen.

Aber damit sind noch nicht alle Probleme aus dem Weg geräumt. Sollte man „zufällig“ ein Modell zum einen mit R und zum anderen mit SPSS rechnen, so wird man direkt irritiert sein, dass die Ergebnisse überhaupt nicht in Einklang zu bringen sind. Die Ursache: Das Modell ist ja zunächst einmal ein Regressionsmodell. Bei diesem werden in beiden Fällen automatisch Faktoren, d.h. nominale Prädiktoren, in Kontraste transformiert (vgl. Kapitel 9.1). Doch die Wahl des Kontrastes fällt bei beiden Programmen verschieden aus: R nimmt standardmäßig „einfache“ Kontraste mit der ersten Gruppe als Referenzgruppe, SPSS zwar auch „einfache“ Kontraste, aber mit der letzten Gruppe als Referenzgruppe. Dadurch fallen die Tests der Kontraste verschieden aus. Erschwerend kommt hinzu, dass beide Programme apriori neben den Einzeltests der Kontraste keinen globalen, zusammenfassenden Test ausgeben, aus dem der Effekt eines Faktors abzulesen wäre. Sowohl bei SPSS als auch bei R kann allerdings solcher ein Test angefordert werden.

Als Beispiel wird hier der Datensatz 7 (`irish`) benutzt, und zwar soll der Einfluss von Geschlecht (`sex`) und Schultyp (`type`) auf den Wortschatz (`vocabula`) untersucht werden.

mit R:

In R stehen eine Reihe von Funktionen zur ordinalen logistischen Regregression zur Verfügung, u.a.:

- `polr (`*`Modell`*`, data=`*`Dataframe`*`)` aus dem Paket `MASS`
- `clm (`*`Modell`*`, data=`*`Dataframe`*`)` aus dem Paket `ordinal`
- `vglm (`*`Modell`*`, family=cumulative(parallel=T/F))` aus dem Paket `VGAM`, die sowohl das vereinfachte Modell (`parallel=T`) als auch das Modell mit individuellen Regressionskoeffizienten (`parallel=F`) handhaben kann.
- `npmlt (`*`Modell`*`, link="clogit")` aus dem Paket `mixcat`

R bietet zum einen die Funktion `Anova` (Paket `car`) für globale Tests der Effekte. Alternativ wird wird hier gezeigt, wie er sich näherungsweise aus den Tests für die einzelnen Kontraste des Faktors ermittelt lässt, wie in Kapitel 9.8 näher beschrieben.

Nachfolgend die Anweisungen für die ordinale Regression, hier mit `clm` , wobei zu beachten ist, dass nicht nur die Faktoren (hier `sex` und `type`) vom Typ „factor“ sein müssen, sondern auch die abhängige Variable vom Typ „ordered factor“. Die `options`-Anweisung

bewirkt, dass bei der Transformation der Faktoren das Effekt-Kodieren (`contr.sum`) angewandt wird.

```
irish <- within(irish, {vocabula<-ordered(vocabula);
              sex<-factor(sex); type<-factor(type)} )
options(contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
lr.clm <- clm(vocabula~sex*type, data=irish)
summary(lr.clm)
Anova(lr.clm, test="Chisq")
```

mit folgender Ausgabe für die Koeffizienten sowie die Anova-Tanelle:

```
Coefficients:
           Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
sex1       -0.20542    0.14399  -1.427   0.1537
type1      -0.07987    0.12311  -0.649   0.5165
type2       0.93545    0.15661   5.973 2.33e-09 ***
sex1:type1  0.73844    0.16396   4.504 6.67e-06 ***
sex1:type2 -0.48368    0.20039  -2.414   0.0158 *
```

```
         Df    Chisq Pr(>Chisq)
sex       1 193.1891     <2e-16 ***
type      2 367.3082     <2e-16 ***
sex:type  2   2.0626     0.3565
```

Darüber hinaus werden noch die Koeffizienten b_{oj} ausgegeben, die aber für die Interpretation des Einflusses von `sex` und `type` ohne Bedeutung sind:

```
Threshold coefficients:
               Estimate Std. Error z value
bad|poor       -1.04596    0.08457 -12.367
poor|good       0.13791    0.07852   1.756
good|excellent  1.18223    0.08500  13.909
```

Zu den Tests der Effekte:

- Der Effekt von `sex` ist direkt aus der Tabelle mit $p_{sex} = 0.1537$ ablesbar, da der Faktor nur zwei Stufen hat.
- Der Effekt von type wird aus den z-Werten der Kontraste `type1` und `type2` ermittelt:
  $\chi^2_{type} = 0.649^2 + 5.973^2 = 36.1$
  und die Signifikanzprüfung ergibt $p_{type} < 0.001$.
- Der Effekt von sex*type wird aus den z-Werten der entsprechenden Kontraste ermittelt:
  $\chi^2_{sex*type} = 4.504^2 + 2.414^2 = 26.1$
  und die Signifikanzprüfung ergibt $p_{sex*type} < 0.001$.

Bleibt noch zu prüfen, ob das vereinfachte *proportional odds model* überhaupt angewandt werden darf. Dazu wird mit der Funktion `vglm` einmal das einfache Modell (`fit1`) gerechnet und einmal das Modell mit den individuellen Koeffizienten (`fit2`). Der Unterschied der Anpassungsgüte wird mittels der Maßzahl „deviance“ auf Signifikanz überprüft:

```
fit1 <- vglm(vocabula~sex*type,data=irish,family=cumulative(parallel=T))
fit2 <- vglm(vocabula~sex*type,data=irish,family=cumulative(parallel=F))
pchisq(deviance(fit1)-deviance(fit2),
   df=df.residual(fit1)-df.residual(fit2),lower.tail=F)
```

Der p-Wert von 0.196 indiziert die Verträglichkeit des vereinfachten Modells mit den Daten.

Möchte man oben die Quadrierung der z-Werte direkt aus dem Ergebnisobjekt der Funktion `clm` (oder einer der anderen Funktionen) vornehmen, so steht man vor einem kleinen Problem. Die Ausgabe von `summary` erlaubt leider nicht die Adressierung der einzelnen Spalten. Und die Ergebnisobjekte selbst sind äußerst komplex aufgebaut. Einzig `npmlt` bietet die Koeffizienten und Standardfehler als Ergebnisobjekte an:

```
erg     <- npmlt(irish$vocabula~irish$sex*irish$type)
zvalues <- erg$coefficients/erg$SE.coefficients
chisq   <- zvalues^2
```

Abschließend sei noch angemerkt, dass nicht nur die Eingabe der o.a. 4 Funktionen für die Analyse der ordinalen Regression quasi identisch ist, sondern gleichermaßen die Ausgabe.

mit SPSS:

In SPSS steht für die ordinale logistische Regression der Modul `PLUM` (*polytomous universal model*) zur Verfügung, im Menü über Regression -> Ordinal. Faktoren, d.h. nominal skalierte Prädiktoren mit *K* Ausprägungen, werden automatisch in *K-1* Kontraste transformiert (vgl. Kapitel 9.1), derart dass für diese $b_i=0$ getestet wird. Die oben erwähnten globalen Tests der Effekte sind nur über die Syntax anforderbar. Für den Faktor `sex` erübrigt sich solch ein Test, da für eine 2-stufige Variable dieser mit dem Test des Koeffizienten identisch ist.

```
PLUM vocabula BY sex type
  /link = logit
  /locaion = sex type sex*type
  /print = fit parameter summary tparallel
  /test (0,0) = type 1 0 0;
                type 0 1 0
  /test (0,0) = sex*type 1 0 0 0 0 0 ;
                sex*type 0 1 0 0 0 0 .
```

Erläuterungen hierzu: Über `location` werden die zu testenden Effekte angegeben. Über `test` wird jeweils ein globaler Effekttest angefordert, wobei auf der rechten Seite so viele Kontraste aufgeführt werden müssen, wie Parameter geschätzt werden, also (I_A-1) (mit I_A als Anzahl Stufen/Gruppen von Faktor A). Für jeden Kontrast wird hinter `test` ein Hypothesenwert in (..) angegeben, also i.a. 0. Bei Interaktionen beträgt die Anzahl der Kontraste (I_A-1)·(I_B-1) mit jeweils $I_A \cdot I_B$ Kontrastkoeffizienten. Als Koeffizienten werden zweckmäßigerweise nur 0 und 1 gewählt, wodurch die Hypothese lautet: alle Koeffizienten sind gleich 0.

Das wesentliche Ergebnis steckt in der Tabelle der Regressionsparameter, oben unter „Schwelle“ die Parameter b_{oj} sowie unter „Lage“ die Parameter b_i , die nach Annahme nicht von der Merkmalsausprägung *j* abhängen. Durch die nominalen Prädiktoren und deren Transformation in (*I*-1) Kontraste und damit (*I*-1) Parameter sind davon einige redundant, die dann mit 0 ausgegeben werden.

Bei den „globalen“ Effekttests werden zunächst die Kontraste noch einmal einzeln getestet, deren Ergebnis mit den o.a. identisch ist. Anschließend folgen die gewünschten Gesamttests. Auf welchen Faktor sich diese beziehen, ist nur über die davor angezeigten Kontrastkoeffizienten erkennbar. Also unten zunächst der Test für `type`, danach für `sex*type`:

Parameterschätzer								
		Schätzer	Standard fehler	Wald	Fg	Sig.	Konfidenz intervall 95%	
							Unterg.	Oberg.
Schwelle	[vocabula = 1]	-,293	,275	1,139	1	,286	-,831	,245
	[vocabula = 2]	,891	,276	10,414	1	,001	,350	1,432
	[vocabula = 3]	1,935	,280	47,694	1	,000	1,386	2,484
Lage	[sex=1]	-,460	,341	1,823	1	,177	-1,128	,208
	[sex=2]	0[a]	.	.	0	.	.	.
	[type=1]	,776	,288	7,246	1	,007	,211	1,341
	[type=2]	1,791	,333	28,937	1	,000	1,138	2,444
	[type=3]	0[a]	.	.	0	.	.	.
	[sex=1] * [type=1]	,993	,367	7,337	1	,007	,275	1,712
	[sex=1] * [type=2]	-,229	,415	,304	1	,581	-1,043	,585
	[sex=1] * [type=3]	0[a]	.	.	0	.	.	.
	[sex=2] * [type=1]	0[a]	.	.	0	.	.	.
	[sex=2] * [type=2]	0[a]	.	.	0	.	.	.
	[sex=2] * [type=3]	0[a]	.	.	0	.	.	.

Testergebnisse		
Wald	Freiheitsgrade	Sig.
35,100	2	,000

Testergebnisse		
Wald	Freiheitsgrade	Sig.
23,614	2	,000

Von besonderem Interesse ist noch der Parallelitätstest. Da dieser nicht signifikant ist, darf das vereinfachte *proportional odds model* angewandt werden.

Parallelitätstest für Linien[a]				
Modell	-2 Log-Likelihood	Chi-Quadrat	Freiheitsgrade	Sig.
Nullhypothese	99,933			
Allgemein	86,421	13,511	10	,196
Die Nullhypothese gibt an, daß die Lageparameter (Steigungkoeffizienten) über die Antwortkategorien übereinstimmen.				

Was passiert, wenn das *n* bezogen auf die Anzahl der Zellen nicht ausreichend ist? Wollte man z.B. eine ordinale Regression mit den Daten des Beispiels 2 (`mydata2`) rechnen, dann stößt man auf dieses Problem: Die Kriterumsvariable hat 8 Ausprägungen und das Design hat 8 Zellen, also gibt es insgesamt 64 Zellen. Aber auf der anderen Seite nur 33 Beobachtungen. Man könnte zunächst das Problem abmildern, indem Merkmalsausprägungen der abhängigen Variablen zusammengefasst werden, z.B. von 8 auf 4 reduzieren. Das kann gelegentlich gut gehen, in die-

sem Fall aber nicht. Es kann nämlich keine „gesicherte“ Lösung gefunden werden. Sowohl R als auch SPSS geben in solchen Fällen Warnungen aus, etwa in R:

```
Warning message:
(1) Hessian is numerically singular: parameters are not uniquely
determined
In addition: Absolute convergence criterion was met, but relative
criterion was not met
```

oder in SPSS:

Warnungen
Es gibt 15 (46,9%) Zellen (also Niveaus der abhängigen Variablen über Kombinationen von Werten der Einflußvariablen) mit Null-Häufigkeiten.
Es wurden unerwartete Singularitäten in der Fisher-Informationsmatrix gefunden. Möglicherweise liegt eine quasi-vollständige Trennung der Daten vor. Einige Parameter werden sich Unendlich nähern.
Die PLUM-Prozedur wird trotz der obigen Warnung(en) fortgesetzt. Die anschließend angezeigten Ergebnisse basieren auf der letzten Iteration. Die Zulässigkeit der Anpassungsgüte des Modells ist unsicher.

Zwar kann sowohl in R als auch in SPSS die Anzahl der Interationen zur Berechnung der Lösung vergrößert werden, was aber selten hilft. In solchen Fällen kann nur davon abgeraten werden, die Ergebnisse zu verwenden.

8. 3 dichotome abhängige Variablen und Messwiederholungen

Es gibt Methoden für die logistische Regression mit dichotomen Kriteriumsvariablen, wenn diese für die Versuchspersonen mehrfach, z.B. unter verschiedenen Versuchsbedingungen, erhoben worden sind, also bei Messwiederholungen. Zu nennen sind hier die in 2.15 vorgestellten *Generalized Linear Mixed-Effects Models* (GLMM) und *Generalized Estimating Equation* (GEE). Doch diese Verfahren führen sehr häufig zum Abbruch, insbesondere bei mehrfaktoriellen Versuchsplänen. Die Ursache ist meistens eine nicht ausreichend große Fallzahl. So ist es z.B. nicht immer möglich, Interaktionen mit dem Messwiederholungsfaktor zu testen.

Als Beispiel wird hier der Datensatz 4 (`winer518`) verwendet, allerdings wird die abhängige Variable dichotomisiert: 1-5->0 bzw. 6-9->1.

mit R:

In R gibt es u.a. die folgenden Funktionen für eine dichotome logistische Regression mit Messwiederholungen:

- `glmer` (Paket `lme4`) (GLMM-Methode)
- `glmmML` (Paket `glmmML`) (GLMM-Methode)
- `geeglm` (Paket `geepack`) (GEE-Methode)
- `gee` (Paket `gee`) (GEE-Methode)
- `geem` (Paket `geeM`) (GEE-Methode)

Simulationen (vgl. Lüpsen, 2018) haben gezeigt, dass die GEE-Methode gefährlich ist, da Interaktionseffekte sich auf die Haupteffekte auswirken, d.h. die Tests sind nicht unabhängig, wie man es sonst von der Varianzanalyse gewohnt ist. Das gleiche gilt zwar

auch für GLMM, allerdings kann die Verwendung des Wald-Tests vom Typ II mittels der Funktion `Anova` (Paket `car`) den Fehler weitgehend unter Kontrolle halten, falls ein Interaktionseffekt vorhanden ist. Allerdings lässt sich diese Funktion nur auf Ergebnisse von `glmer` anwenden. Weiterhin hat sich gezeigt, dass die Teststärke (Power) von GEE und GLMM äußerst gering ist (Ausnahme: `glmer` unter Verwendung des o.a. Wald-Tests). Daher sind die in Kapitel 7 vorgeschlagenen Methoden vorzuziehen.

Die Anweisungen sind für alle Funktionen ähnlich, allerdings sind die Ergebnisse wegen der unterschiedlichen Schätzmethoden recht unterschiedlich. Es sind auch mehrere Messwiederholungs- und Gruppierungsfaktoren möglich.

Basis ist immer der umstrukturierte Datensatz, hier also `winer518t`. Es ist zu beachten, dass viele Funktionen die Kodierung 0/1 für die abhängige Variable erwarten. Zunächst wird hier `glmer` vorgestellt, allerdings nur mit der Möglichkeit zur Ermittlung der beiden Haupteffekte Geschlecht und Zeit, da bei Anforderung eines Interaktionseffektes keine Lösung gefunden werden kann. Für das Ergebnis wird mittels der Funktion `Anova` eine Anova-Tabelle erstellt. Die Eingabe:

```
winer518t[,3]<-winer518t[,3]%/%5                    # Dichotomisierung
within(winer518t,{Geschlecht<-factor(Geschlecht); Zeit<-factor(Zeit);
                  Vpn<-factor(Vpn)}
g <- glmer(score~Geschlecht+Zeit+(1|Vpn),data=winer518t,family=binomial)
Anova(g, test="Chisq")
summary(g)
```

```
            Chisq Df Pr(>Chisq)
Geschlecht 1.4276  1    0.23216
Zeit       5.0600  2    0.07966
```

```
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
Approximation) ['glmerMod']
 Family: binomial  ( logit )
Formula: score ~ Geschlecht + Zeit + (1 | Vpn)
   Data: winer518.5

     AIC      BIC   logLik deviance df.resid
    44.2     51.2    -17.1     34.2       25

Scaled residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-2.0209 -0.6201  0.0608  0.6252  2.6793

Random effects:
 Groups Name        Variance  Std.Dev.
 Vpn    (Intercept) 2.752e-20 1.659e-10
Number of obs: 30, groups:  Vpn, 10

Fixed effects:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   0.4636     0.5990   0.774   0.4390
Geschlecht2  -1.0153     0.8498  -1.195   0.2322
Zeit.L       -1.6708     0.7740  -2.159   0.0309 *
Zeit.Q       -0.5828     0.6999  -0.833   0.4051
```

Die obige Ausgabe mittels `summary` enthält für die Gruppierungsfaktoren lediglich Tests für die einzelnen Kontraste. Bei Verwendung anderer Funktionen als `glmer` muss man gegebenenfalls aus diesen wie in Kapitel 9.8 beschrieben und in Abschnitt 6.10.4 bereits demonstriert für einen Faktor einen Gesamttest mit der Hand ausrechnen. Für den Messwiederholungsfaktor (hier Zeit) wird ein Test auf linearen (`Zeit.L`) bzw. quadratischen Trend (`Zeit.Q`) ausgegeben. Hiernach besteht ein Unterschied zwischen den Zeitpunkten, aber nicht zwischen Männer und Frauen.

Die Funktion `geeglm` kann im Gegensatz zu `glmer` auch bei kleinerem *n* Interaktionen mit dem Messwiederholungsfaktor testen. Allerdings ist das Ergebnis nicht mit der Funktion `Anova` kompatibel, sondern nur mit `anova`, bei der die Reihenfolge der Faktoren eine Rolle spielt. Zunächst die Eingabe, wobei vorher noch die Dichotomisierung und Wandlung in den Typ factor wie im vorigen Beispiel vorzunehmen ist:

```
g <- geeglm(score~Geschlecht*Zeit,id=Vpn,data=winer518t,family=binomial)
summary(g)
anova(g)
```

zunächst mit der Ausgabe der Ergebnisse für die Kontraste, danach die Anova-Tabelle:

```
 Coefficients:
                    Estimate   Std.err Wald Pr(>|W|)
(Intercept)         6.71e+00  1.51e+06 0.00    1.000
Geschlecht1         7.17e+00  1.34e+06 0.00    1.000
Zeit.L             -1.61e+00  7.57e-01 4.55    0.033 *
Zeit.Q             -1.70e+01  3.55e+06 0.00    1.000
Geschlecht1:Zeit.L  3.47e-01  7.57e-01 0.21    0.647
Geschlecht1:Zeit.Q -1.82e+01  3.69e+06 0.00    1.000
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
Estimated Scale Parameters:
            Estimate Std.err
(Intercept)    0.833   0.349
```

```
Analysis of 'Wald statistic' Table
Model: binomial, link: logit
Response: dscore
Terms added sequentially (first to last)

                Df   X2 P(>|Chi|)
Geschlecht       1 1.18      0.28
Zeit             2 4.36      0.11
Geschlecht:Zeit  2 0.21      0.90
```

Eine andere Funktion, `gee`, wurde bereits im Abschnitt 6.10.4 vorgestellt. Für die Analyse einer dichotomen Variablen ist dort lediglich bei dem Parameter `family` die Spezifikation `gaussian` durch `binomial` zu ersetzen. Allerdings wird darauf aufmerksam gemacht, dass das *n* für eine Schätzung nicht mehr ausreicht.

mit SPSS:

SPSS bietet für die dichotome logistische Regression mit Messwiederholungen die Prozedur `Genlin` (GEE-Methode) an. Auch hier sind Interaktionen mit dem Messwiederholungsfaktor nicht immer möglich. SPSS erwartet hier wie in 6.10.4 beschrieben ausnahmsweise

die Daten nicht in der „normalen“ Struktur (alle Werte pro Fall in einer Zeile), sondern in der Form, in der die Werte jeder Messwiederholung in einer separaten Zeile angeordnet sein müssen. Die Umstrukturierung ist im Anhang 1.1 beschrieben. Nachfolgend zunächst die Eingabe:

```
COMPUTE dscore=score>5.

GENLIN dscore (REFERENCE=LAST)
  BY Geschlecht Zeit (order = DESCENDING)
/MODEL Geschlecht Zeit
  DISTRIBUTION=BINOMIAL
  LINK=LOGIT
/REPEATED SUBJECT=Vpn CORRTYPE = EXCHANGEABLE
/EMMEANS  TABLES = Zeit
  compare = Zeit
  contrast=repeated
/EMMEANS  TABLES = Geschlecht
  compare = Geschlecht
  contrast=pairwise.
```

Mittels der beiden EMMEANS-Befehle werden Einzelvergleiche durchgeführt und ein Gesamttest für den Faktor ausgegeben. Für den Messwiederholungsfaktor empfiehlt sich häufig die Option von „repeated“-Kontrasten (siehe Kapitel 9), für den Gruppierunsgfaktor wäre in diesem Fall der Befehl entbehrlich, da er nur 2 Gruppen hat. Nachfolgend zunächst der wesentliche Teil der Standardausgabe, danach die jeweilige Ausgabe der beiden EMMEANS-Befehle, Mittelwertvergleiche und Gesamttest.

Parameterschätzer

Parameter	Regressionskoeffizient B	Standard Fehler	95% Wald-Konfidenzintervall Unterer Wert	95% Wald-Konfidenzintervall Oberer Wert	Hypothesentest Wald-Chi-Quadrat	Hypothesentest df	Hypothesentest Sig.
(Konstanter Term)	-,757	1,0461	-2,808	1,293	,524	1	,469
[Geschlecht=2]	,584	,9711	-1,320	2,487	,361	1	,548
[Geschlecht=1]	0[a]	.	.	.	.	.	.
[Zeit=3]	2,631	1,0191	,634	4,628	6,665	1	,010
[Zeit=2]	1,282	,9135	-,509	3,072	1,969	1	,161
[Zeit=1]	0[a]	.	.	.	.	.	.
(Skala)	1						

/EMMEANS TABLES = Zeit: Hier ist zu beachten, dass der globale Test für Zeit signifikant ist, während dies aus den beiden folgenden Einzelvergleichen nicht ersichtlich ist.

Individuelle Testergebnisse

Zeit Wiederholter Kontrast	Kontrastschätzer	Standard Fehler	Wald-Chi-Quadrat	df	Sig.
Niveau 3 vs. Niveau 2	,20	,121	2,816	1	,093
Niveau 2 vs. Niveau 1	,31	,208	2,193	1	,139

Gesamttestergebnisse

Wald-Chi-Quadrat	df	Sig.
11,526	2	,003

`/EMMEANS TABLES = Geschlecht:` Hier ist zu anzumerken, dass beide Vergleiche (natürlich) identische Ergebnisse liefern und das Gesamtergebnis mit dem aus der ersten Tabelle übereinstimmt.

Paarweise Vergleiche

(I)	(J)	Mittlere Differenz (I-J)	Standard Fehler	df	Sig.	95% Wald-Konfidenzintervall für die Differenz Unterer Wert	Oberer Wert
2	1	,12	,221	1	,579	-,31	,56
1	2	-,12	,221	1	,579	-,56	,31

Gesamttestergebnisse

Wald-Chi-Quadrat	df	Sig.
,307	1	,579

8. 4 ordinale abhängige Variablen und Messwiederholungen

Auch für den Fall ordinaler Kriteriumsvariablem gibt es Methoden der logistischen Regression mit Messwiederholungen, derzeit allerdings nur in R. Normalerweise wird das in Kapitel 8.2 kurz beschriebene *proportion odds model* angewandt.

Als Beispiel wird hier wieder der Datensatz 4 (`winer518`) verwendet, allerdings die abhängige Variable transformiert: (1,2)->1, (3,4)->2,..., 9->5.

mit R:

R bietet hierzu u.a. die folgenden zwei Funktionen an:

- `repolr` (Paket `repolr`)
- `nomLORgee` (Paket `multgee`)

Bei diversen Tests hat sich `repolr` als die robustere und zuverlässigere Funktion erwiesen. Basis ist auch hier der umstrukturierte Datensatz, hier also `winer518t`. Die Funktion bietet zum einen die Möglichkeit an, die Struktur für die Korrelationen der Messwiederholungen festzulegen (vgl. Abschnitt 2.15): gleiche Korrelationen (`uniform`), Unabhängigkeit der Messwiederholungen (`independence`) oder autoregressive (`ar1`), falls ein Trend vermutet wird, wobei der default (`uniform`) der Normalfall sein wird. Zum anderen bietet die Funktion einen Test (`po.test`) zur Überprüfung der Gültigkeit des *proportion odds model*. Die Zeitpunkte (`times`) können angegeben werden, falls diese nicht äquidistant sind. Die Anzahl der Ausprägungen von *y* muss dagegen mit `categories` spezifiziert werden. `repolr` erlaubt auch eine Anova-Tablle mittels der Funktion `Anova` (Paket `car`).

Die Werte müssen 1,2,... sein, also größer 0. Nachfolgend Ein- und Ausgabe:

```
winer518t[,3]<-winer518t[,3]%/%2+1    # Transformation von y in 1,..,5
fit.r <-  repolr(score~Geschlecht*Zeit, subjects="Vpn",
          data=winer518t, times=c(1,2,3), categories=5, po.test=T)
summary(fit.r)
Anova(fit.r)
```

```
Coefficients:
                    coeff    se.robust  z.robust  p.value
cuts1|2            -2.5910   0.6551    -3.9551    0.0001
cuts2|3            -1.0712   0.5263    -2.0353    0.0418
cuts3|4             1.0370   0.0543    19.0976    0.0000
cuts4|5             3.2392   0.6981     4.6400    0.0000
Geschlecht2         0.4965   0.4016     1.2363    0.2163
Zeit.L              1.8490   0.4503     4.1062    0.0000
Zeit.Q              2.0381   0.5275     3.8637    0.0001
Geschlecht2:Zeit.L  1.4234   0.5955     2.3903    0.0168
Geschlecht2:Zeit.Q -4.2489   0.8672    -4.8996    0.0000

Correlation Structure:  independence
Fixed Correlation:  0
PO Score Test: 8.121 (d.f. = 15 and p.value = 0.9188)
```

```
Analysis of Deviance Table (Type II tests)

Response: score
               Df    Chisq Pr(>Chisq)
cuts            4   37.585  1.365e-07 ***
Geschlecht      1  341.387  < 2.2e-16 ***
Zeit            2 2182.997  < 2.2e-16 ***
Geschlecht:Zeit 2   32.801  7.538e-08 ***
```

Die Koeffizienten `cuts1|2`,... sind die absoluten Glieder des Modells und spielen bei der varianzanalytischen Interpretation der Ergebnisse keine Rolle. Darunter folgen die Tests für die Kontraste der Gruppenvariablen, hier Geschlecht, sowie die linearen und quadratischen Kontraste des Messwiederholungsfaktors (`Zeit.L` und `Zeit.Q`). Darunter dann die Tests für die daraus resultierenden Interaktionen. Hieraus ist abzulesen (vgl. auch Abschnitt 6.10.4), dass die Zeit einen Einfluss hat, der für Männer und Frauen verschieden ausfällt. Häufig kann allerdings aus den Tests der Kontraste nicht unmittelbar ein Gesamttest für den Faktor abgelesen werden. Dann ist es erforderlich, wie in Kapitel 9.8 beschrieben aus den z-Werten der Kontraste, die zu einem Faktor bzw. zu einer Interaktion gehören, einen χ^2-Test zu ermitteln. Für den Faktor Zeit (Zeilen `Zeit.L` und `Zeit.Q`) wäre das z.B.:

$\chi^2 = 4.1062^2 + 3.8637^2 = 31.79$

ein Wert, der bei 2 Freiheitsgraden auf dem 1%-Niveau signifikant ist.

Zuletzt wird der Test zur Überprüfung des *proportion odds model* ausgegeben, der mit p=0.92 nicht signifikant ausfällt und somit die Anwendung der Methode legitimiert.

9. Mittelwertvergleiche, Kontraste und Kodierungen

In der Regel ist es erforderlich, im Anschluss an eine Varianzanalyse Mittelwertvergleiche durchzuführen. Denn signifikante Effekte besagen nur, dass zwischen irgendwelchen Gruppen Mittelwertunterschiede bestehen, geben aber keinen weiteren Aufschluss darüber, welche Gruppen oder Stufen dies nun sind. Für diese Fragestellung unterscheidet man grundsätzlich:

- *geplante* Vergleiche, *apriori-Vergleiche* oder *Kontraste*, die als Hypothesen bereits *vor* der Untersuchung, d.h. vor Erhebung des Datenmaterials, vorliegen, und
- *multiple Mittelwertvergleiche* oder *posthoc-Tests*, für die keine speziellen Hypothesen vorliegen und die üblicherweise durchgeführt werden, wenn die Varianzanalyse einen signifikanten Effekt aufzeigt, der dann näher analysiert werden soll. Das allgemeinste, aber auch schwächste Verfahren in dieser Kategorie sind die *paarweisen Vergleiche mit α-Adjustierungen*.

Alpha-Adjustierungen und multiplen Vergleichen ist ein separates Skript gewidmet (vgl. Lüpsen, 2014). Dieses Skript beschränkt sich auf allgemeine Grundlagen zu Kontrasten, da diese zum Verständnis in den Kapiteln 7 und 8 erforderlich sind. Ausführliche Darstellungen sind auch im Internet zu finden, so z.B. bei Gonzalez (2009).

9. 1 Grundlagen

Vielfach existieren bei der Varianzanalyse eines Merkmals zusätzlich zur globalen Hypothese gleicher Mittelwerte noch spezielle Hypothesen. Liegen z.B. 3 Gruppen vor, etwa eine Kontrollgruppe K sowie 2 Experimentalgruppen A und B, so könnten diese lauten: Vergleich der Mittelwerte von K gegen A sowie K gegen B. Solche Hypothesen müssen allerdings bereits *vor* der Untersuchung festliegen. Solche speziellen Vergleiche heißen *apriori-Vergleiche* oder *Kontraste*. Hierbei können nicht nur jeweils die Mittelwerte von zwei Gruppen verglichen werden, sondern allgemein eine Linearkombination der Mittelwerte auf den Wert 0. Bei o.a. Beispiel etwa den Mittelwert von K gegen den Durchschnitt der Mittelwerte von A und B, d.h. die beiden Experimentalgruppen unterscheiden sich „im Schnitt“ von der Kontrollgruppe hinsichtlich der Mittelwerte. Die Linearkombination ist dann $1*\mu_K - 0.5*(\mu_A + \mu_B)$. Theoretisch können sogar bei der Zusammenfassung von Gruppen gewichtete Mittel gebildet werden, etwa $(0.333*\mu_A + 0.667*\mu_B)$, wenn etwa die B-Gruppe doppelt so stark berücksichtigt werden soll wie die A-Gruppe.

Hat ein Faktor *I* Gruppen (Schichten), so ist ein Kontrast C über *I* Koeffizienten c_i definiert:

$$C = c_1\mu_1 + c_2\mu_2 + \ldots + c_I\mu_I$$

wobei die Nebenbedingung $c_1+c_2+..+c_I = 0$ eingehalten werden muss. Diese Summe wird dann auf den Wert 0 getestet. Im parametrischen Fall errechnet sich die Testgröße dann als

$$SS_C = \frac{(c_1\bar{x}_1 + c_2\bar{x}_2 + \ldots + c_I\bar{x}_I)^2}{\frac{c_1^2}{n_1} + \frac{c_2^2}{n_2} + \ldots + \frac{c_I^2}{n_I}}$$

und entspricht dem Anteil der Streuung SS_{Effekt}, der durch diesen Kontrast erklärt wird. Somit lässt sich diese Streuung SS_C analog mit dem F-Test auf Signifikanz überprüfen :

$$F = \frac{SS_C}{MS_{Fehler}}$$

wobei dieser F-Wert 1 Zähler-Fg hat und Nenner-Fg dem Test von SS_{Effekt} zu entnehmen sind.

Es gibt aber noch eine andere, in R bevorzugte, Darstellung dieses Tests, und zwar mittels eines t-Tests, wobei in Erinnerung gerufen wird, dass allgemein $t_n = \sqrt{F_{1,n}}$ gilt:

$$t = \frac{C}{s_e} = \sqrt{F}$$

wobei C der o.a. Kontrastschätzer und s_e der Standardfehler (des Kontrastschätzers) ist.

Es sei noch erwähnt, dass die Skalierung der c_j ohne Bedeutung ist, d.h. Kontraste $c_j' = a \cdot c_j$ ergeben dasselbe Resultat wie die Kontraste c_j.

In der Regel hat der Untersucher mehrere Hypothesen, aus denen dann mehrere Kontraste resultieren. Hierfür gelten dann folgende Regeln bzw. Eigenschaften:

- Es dürfen nur (k-1) Kontraste getestet werden.
- Zwei Kontraste C_1 mit Koeffizienten $c_{11}+c_{12}+..+c_{1I}$ und C_2 mit Koeffizienten $c_{21}+c_{22}+..+c_{2I}$ heißen *orthogonal*, d.h. sind unabhängig voneinander, wenn die folgende Bedingung erfüllt ist:

$$\frac{c_{11}c_{21}}{n_1} + \frac{c_{12}c_{22}}{n_2} + \ldots + \frac{c_{1I}c_{2I}}{n_I} = 0$$

- Eine Menge von Kontrasten heißt *orthogonal*, wenn alle Paare orthogonal sind.
- Werden (I-1) orthogonale Kontraste $C_1, C_2,..,C_{I-1}$ mit Streuungen $SS_{C1}, SS_{C2},.., SS_{C(I-1)}$ getestet, dann gilt $SS_{C1} + SS_{C2} +..+ SS_{C(I-1)} = SS_{Effekt}$, d.h. die gesamte durch den Faktor erklärte Streuung lässt sich in (I-1) einzeln erklärbare Streuungen unterteilen.

Sind die zu untersuchenden Kontraste nicht orthogonal oder sollen mehr als (I-1) Kontraste geprüft werden, so sind die einzelnen Testergebnisse nicht mehr unabhängig voneinander. In solchen Fällen ist eine α-Korrektur (siehe dazu Lüpsen, 2014) vorzunehmen. Speziell hierfür ist u.a. das Verfahren von *Dunn & Bonferroni* konzipiert.

Beispiel:

Für die o.a. Situation eines Faktors mit den Gruppen K, A und B werden 2 Kontraste definiert: K-A sowie K-B. Daraus resultieren folgende Koeffizienten c_j:

	Kontraste	
Gruppe	C_1	C_2
K	1	1
A	- 1	0
B	0	- 1

Diese beiden Kontraste sind nicht orthogonal, denn $1 \cdot 1 + (-1) \cdot 0 + 0 \cdot (-1) = 1$.

Wird dagegen zum einen die Kontrollgruppe K gegen das Mittel von A und B verglichen und zum anderen die beiden Experimentalgruppen A und B gegeneinander, dann resultieren daraus die Koeffizienten c_j:

	Kontraste	
Gruppe	C_1	C_2
K	2	0
A	- 1	1
B	- 1	- 1

Diese beiden Kontraste sind orthogonal, denn $2 \cdot 0 + (-1) \cdot 1 + (-1) \cdot (-1) = 0$.

Die Kontraste oder Kodierungen haben auch eine andere Funktion: Bei der Regression müssen Prädiktoren mit nominalem Skalenniveau dichotomisiert werden. Die „naive" Art, ein nominales Merkmal f mit m Ausprägungen in mehrere dichotome d_1,.., d_m zu transformieren, ist normalerweise so, dass d_j genau dann den Wert 1 hat, wenn f den Wert j hat, und sonst 0. Da von diesen m Variablen zwangsläufig eine redundant ist - jede beliebige von diesen lässt sich aus den übrigen errechnen, z.B. $d_m = 1-d_1-d_2-...-d_{m-1}$, muss eine weggelassen werden. Diese Kodierung, das *dummy coding*, ist nicht die einzige Möglichkeit, ein nominales Merkmal zu transformieren. Nachfolgend werden die Standardmethoden für die Kodierung und Kontrastbildung vorgestellt.

9. 2 Standard-Kontraste

Prinzipiell kann der Benutzer natürlich individuelle Kontraste festlegen, was sowohl in R als auch in SPSS mit ein wenig Aufwand verbunden ist. Es gibt aber eine Reihe von „Standard"-Kontrasten, die für einen Faktor vereinbart werden können. Allerdings ist die Namensgebung nicht einheitlich. Hierbei sind Kontraste und Kodierungen (nominaler Variablen) zu unterscheiden. Bei Kontrasten muss die Nebenbedingung $c_1+c_2+..+c_I = 0$ eingehalten werden, bei Kodierungen nicht.

Dummy Coding / Indikator / Einfach bzw. Simple (SPSS)/ contr.treatment (R)

Statistisch werden alle Gruppen gegen eine vorgegebene, üblicherweise die erste oder letzte, paarweise verglichen, nämlich die, die bei den oben erwähnten d_j nicht repräsentiert ist. Die „Referenzgruppe" kann sowohl bei R als auch bei SPSS festgelegt werden. Dies wird angewandt, wenn eine Gruppe die Vergleichsgruppe ist, meist die sog. Kontrollgruppe. Anzumerken ist, dass bei SPSS die Koeffizienten dieselben sind, wie beim Effekt-Kodierung bei R, aber die Ergebnisse denen eines Vergleichs mit einer vorgegebenen Gruppe entsprechen:

	Kontraste R				Kontraste SPSS			
Gruppe	1	2	...	(k-1)	1	2	...	(k-1)
1	1	0		0	1	0		0
2	0	1		0	0	1		0
...	0	0						
k-1	0	0		1	0	0		1
k	0	0		0	- 1	- 1		- 1

Effekt-Kodierung / Abweichung bzw. Deviation (SPSS) / contr.sum (R)

Dies sind orthogonale Kontraste, die letztlich der Varianzanalyse zugrunde liegen. Durch diese werden nämlich die Abweichungen vom Gesamtmittelwert getestet. Da nur (*I*-1) Vergleiche erlaubt sind, muss der Test für eine Gruppe entfallen. Dies ist üblicherweise (in R und SPSS) die letzte Gruppe. Die Koeffizienten:

	Kontraste R				Kontraste SPSS			
Gruppe	1	2	...	(k-1)	1	2	...	(k-1)
1	1	0		0	(I-1)/I	- 1/I		- 1/I
2	0	1		0	- 1/I	(I-1)/I		- 1/I
...	0	0						
I-1	0	0		1	- 1/I	- 1/I		(I-1)/I
I	-1	-1		-1	- 1/I	- 1/I		- 1/I

Helmert-Kodierung / Differenz bzw. Difference (SPSS) / contr.helmert (R)

Bei dieser Bildung von orthogonalen Kontrasten werden sukzessive folgende Gruppen miteinander vergleichen: 1-2, (1,2)-3, (1,2,3)-4 usw. wobei mit (.,.) der Mittelwert der entsprechenden Gruppen bezeichnet wird.

	Kontraste R und SPSS			
Gruppe	1	2	...	(I-1)
1	- 1	- 1/2		- 1/(I-1)
2	1	- 1/2		- 1/(I-1)
...	0	1		
I-1	0	0		- 1/(I-1)
I	0	0		1

umgekehrte Helmert-Kodierung / Helmert (SPSS)

Bei dieser Bildung von orthogonalen Kontrasten werden sukzessive die erste gegen alle folgenden Gruppen miteinander vergleichen, die zweite gegen alle folgenden usw. (Diese Kontraste sind in R nicht verfügbar.)

	Kontraste SPSS			
Gruppe	1	2	...	(I-1)
1	1	0		0
2	- 1/(I-1)	1		0
...	- 1/(I-1)	- 1/(I-2)		
I-1	- 1/(I-1)	- 1/(I-2)		1
I	- 1/(I-1)	- 1/(I-2)		- 1

Wiederholt bzw. Repeated (SPSS)

Bei dieser Kodierung werden sukzessive zwei aufeinander folgende Gruppen miteinander vergleichen: 1-2, 2-3, 3-4 usw. Diese werden sinnvollerweise bei Messwiederholungsfaktoren eingesetzt. (Diese Kontraste sind in R nicht verfügbar.)

	Kontraste SPSS			
Gruppe	1	2	...	(I-1)
1	1	0		0
2	- 1	1		0
...	0	- 1		
I-1	0	0		1
I	0	0		- 1

Polynomial

Diese Kontraste dienen der Trendanalyse und setzen ordinales Skalenniveau des Faktors voraus. Die Kontrastkoeffizienten errechnen sich aus den sog. orthogonalen Polynomen. In dieser Version des Skripts wird nicht näher darauf eingegangen.

Ausführliche Erläuterungen der Standard-Kontraste sind beim Institute for Digital Research and Education sowohl für R asl auch für SPSS zu finden.

9. 3 Auswahl der Kontraste

R bietet die o.a. Standard-Kontraste über die folgenden Funktionen:

`contr.treatment(`*I*`,base=`*j*`)` (*j*=Nummer der Vergleichsgruppe)
`contr.sum(`*I*`)`
`contr.helmert(`*I*`)`
`contr.poly(`*I*`)`

wobei *k* die Anzahl der Gruppen ist. Die Auswahl erfolgt über das Kommando

`contrasts(`*Faktorname*`) <- contr.`*name*

Es gibt auch eine Voreinstellung für Objekte vom Typ „factor“:

`contr.treatment(`*I*`,base=`*I*`)` für „normale“ Faktoren
`contr.poly(`*I*`)` für „ordered factors“

die dann z.B. bei der Verwendung von „factor“-Variablen bei der Regression verwendet werden. Die Voreinstellung kann über

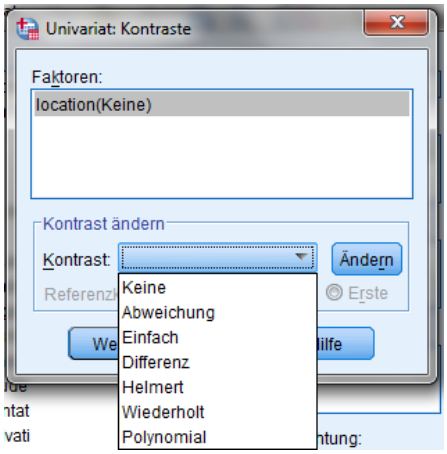
`options(contrasts=c("contr.`*name1*`","contr.`*name2*`"))`

geändert werden und über `getOption("contrasts")` abgefragt werden. Hierbei wird `contr.`*name1* für „normale“ Faktoren und `contr.`*name2* für für „ordered factors“ übernommen. (Vgl. auch Anmerkungen zur Funktion `aov` in Kapitel 3.1.)

Bei SPSS gibt es in den Routinen zur Varianzanalyse sowie zur binär logistischen Regression zum einen das Unterkommando

```
/Contrast(Faktorname)=name
```

wobei `name` einer der oben für SPSS angeführten *englischen* Kontrastnamen ist, zum anderen in den Eingabemasken den Button „Kontraste“, der zu der folgenden Auswahl führt:



Dabei darf allerdings nicht der „Ändern“-Button vergessen werden.

9. 4 nichtparametrische Kontraste für die RT-, ART- und Puri & Sen-Verfahren

Einige der im Kapitel 2 vorgestellten nichtparametrischen Varianzanalysen lassen sich ja auf die parametrischen Standardverfahren zurückführen, so insbesondere die RT-, die ART-, die INT- sowie die Puri & Sen-Tests. Die Analyse von Kontrasten ist darin problemlos möglich.

Als erstes sollen Kontrast-Vergleiche in Verbindung mit dem RT-Verfahren, und zwar am Beispiel des Datensatzes 2 (`mydata2`) mit dem Faktor `drugs` demonstriert werden. Zunächst einmal wird angenommen, dass die erste Gruppe eine Vergleichsgruppe ist, gegen die die anderen drei Gruppen getestet werden sollen.

mit R:

Die Tabelle 4.6 in Kapitel 4.3.4 zeigt für den Faktor `drugs` einen signifikanten Effekt an, der nun weiter untersucht werden soll. Dabei besteht die Hypothese, dass der Mittelwert der ersten Gruppe sich von allen anderen unterscheidet. Diese kann mit den „einfach“-Kontrasten (`contr.treatment`) geprüft werden. Dazu ist `lm`, alternativ `gls` aus dem Paket `nlme`, als Varianzanalysefunktion zu verwenden, die zwar keine Anova-Tabelle ausgeben, dafür aber die Kontraste:

```
library(nlme)
contrasts(mydata2$drugs) <- contr.treatment(4,base=1)
aovc   <- lm(rx~group*drugs,mydata2)
summary(aovc)
```

Neben ein paar weiter nicht interessierenden Ergebnissen wird eine Tabelle aller Kontraste mit Tests ausgegeben. Hierbei ist anzumerken, dass bedingt durch die 2-faktorielle Analyse auch Kontraste für den anderen Faktor (`group`) sowie für die Interaktion ausgegeben werden. Die Zeilen `drugs2`,..,`drugs4` enthalten die Vergleiche mit `drugs1`:

```
                Value Std.Error    t-value      p-value
(Intercept)    8.2500  2.514377  3.2811303 3.043817e-03
group1         5.2500  2.514377  2.0879920 4.714492e-02
drugs2         5.9750  3.346511  1.7854415 8.632831e-02
drugs3         9.3750  3.426519  2.7360130 1.127545e-02
drugs4        16.7125  3.346511  4.9940068 3.785352e-05
group1:drugs2  1.7250  3.346511  0.5154622 6.107586e-01
group1:drugs3 -1.3750  3.426519 -0.4012819 6.916220e-01
group1:drugs4 -7.9125  3.346511 -2.3644026 2.613481e-02
```

Tabelle 9-1

mit SPSS:

Die Tabelle 4.8 in Kapitel 4.3.4 zeigt für den Faktor `drugs` einen signifikanten Effekt an, der nun weiter untersucht werden soll. Dabei besteht die Hypothese, dass der Mittelwert der ersten Gruppe sich von allen anderen unterscheidet. Diese kann mit den „simple“-Kontrasten geprüft werden. Dazu ist bei den Anweisungen für die oben erwähnte Analyse die Zeile

```
/Contrast(drugs)=Simple(1)
```

einzufügen, wobei das „(1)“ die Nummer der Vergleichsgruppe angibt, also hier die erste:

```
Unianova  x by patients drugs
  /Contrast(drugs)=Simple(1)
  /save = zresid
  /print = homogenity
  /design = patients drugs patients*drugs.
```

Die Ausgabe dazu sollte selbsterklärend sein:

Kontrastergebnisse (K-Matrix)			
Einfacher Kontrast[a]			Abhängige Variable
			Rx
Niveau 2 vs. Niveau 1	Kontrastschätzer		5,975
	Hypothesenwert		0
	Differenz (Schätzung - Hypothesen)		5,975
	Standardfehler		3,347
	Sig.		,086
	95% Konfidenzintervall für die Differenz	Untergrenze	-,917
		Obergrenze	12,867
Niveau 3 vs. Niveau 1	Kontrastschätzer		9,375
	Hypothesenwert		0
	Differenz (Schätzung - Hypothesen)		9,375
	Standardfehler		3,427
	Sig.		,011
	95% Konfidenzintervall für die Differenz	Untergrenze	2,318
		Obergrenze	16,432

Niveau 4 vs. Niveau 1	Kontrastschätzer		16,713
	Hypothesenwert		0
	Differenz (Schätzung - Hypothesen)		16,713
	Standardfehler		3,347
	Sig.		,000
	95% Konfidenzintervall für die Differenz	Untergrenze	9,820
		Obergrenze	23,605
a. Referenzkategorie = 1			

Tabelle 9-2

Das Vorgehen ist im Zusammenhang mit dem ART-Verfahren (vgl. Kapitel 4.3.6) völlig identisch.

Ein wenig anders ist es bei Verwendung des Puri & Sen-Verfahrens (vgl. Kapitel 4.3.5). Hier müssen die χ^2-Werte für jeden Vergleich „mit der Hand“ ausgerechnet werden, was ein wenig mühselig ist, zumal SPSS nicht die Testgröße ausgibt:

$$\chi^2 = t^2 \cdot \frac{MS_{Fehler}}{MS_{total}} \qquad t = \frac{C}{s_e}$$

wobei

- *t* die t-verteilte Teststatistik ist, die bei SPSS erst errechnet werden muss aus
- *C* der Kontrastwert (in SPSS: Kontrastschätzer) und
- s_e der Standardfehler (des Kontrastschätzers),
- MS_{Fehler} die Fehlervarianz (aus der Anova-Tabelle zu entnehmen)
- MS_{total} die Gesamtvarianz, die bereits für die Anova-Tests ermittelt worden war (vgl. Kapitel 4.3.5).

Die χ^2-Werte haben jeweils 1 Fg und müssen anhand der Tabellen der χ^2-Verteilung auf Signifikanz überprüft werden. Aus Tabelle 4-8 in Kapitel 4.3.5 lässt sich MS_{Fehler} = 43,35 sowie MS_{total} =2904,5/32 = 90,77 errechnen.

mit R:

In der Anova-Tabelle für diese Daten (Tabelle 4-6) fehlt ein Wert für MS_{Fehler} . Dieser muss gegebenenfalls mit `aov` neu errechnet werden und ergibt `msfehler` mit dem Wert 43,35. Zur Berechnung der χ^2-Werte müssen die t-Werte aus der Tabelle 9-1 quadriert, mit MS_{Fehler} sowie durch MS_{total} dividiert werden. Das kann in R programmiert werden. (Die Berechnung „per Hand“ kann dem Abschnitt „SPSS“ entnommen werden.) Wenn `aovc` das oben ermittelte Ergebnisobjekt von `gls` ist, dann lässt sich mit folgenden Anweisungen daraus zunächst die Kontrasttabelle `ctabelle`, die t-Werte `twerte` und schließlich die χ^2-Werte `chisq`:

```
ctabelle<- as.data.frame(summary(aovc)$tTable)
twerte  <- ctabelle$"t-value"
names(twerte)<- row.names(ctabelle)
aov2r   <- anova(aov(rx~group*drugs,mydata2))
mstotal <- sum(aov2r[,2])/sum(aov2r[,1])
msfehler<- aov2r[4,3]
chisq   <- twerte^2*msfehler/mstotal
pvalues <- 1-pchisq(chisq,1)
data.frame(chisq,pvalues)
```

mit der nachfolgenden Ausgabe, worin die Zeilen `drugs2`,..,`drugs4` die gewünachten Testergebnisse enthalten:

```
                    chisq      pvalues
(Intercept)    5.14197182 0.0233541081
group1         2.08228611 0.1490168492
drugs2         1.52255843 0.2172327363
drugs3         3.57535389 0.0586429521
drugs4        11.91189867 0.0005577652
group1:drugs2  0.12690430 0.7216636075
group1:drugs3  0.07690983 0.7815296246
group1:drugs4  2.67008813 0.1022503615
```

Tabelle 9-3

mit SPSS:

Die Berechnung soll nur für den ersten Vergleich (drugs1 - drugs2) gezeigt werden:

$$\chi^2 = \left(\frac{5,975}{3,347}\right)^2 \cdot \frac{43,35}{90,77} = 1,52$$

Der kritische χ^2-Wert bei 1 Fg beträgt 3,84, so dass kein Unterschied zwischen drug1 und drug2 nachgewiesen werden kann.

Das vorige Beispiel wird dahingehend modifiziert, dass drug1 und drug2 als etablierte Präparate angenommen werden, während drug3 und drug4 als neu angesehen werden. Daher sollen zum einen die beiden alten Präparate (1-2) sowie die beiden neuen Prärparate (3-4) verglichen werden, zum anderen die alten zusammen gegen die neuen zusammen ((1,2)-(3,4)). Daraus resultiert folgende Kontrastmatrix:

	Kontraste		
Gruppe	1	2	3
drugs1	1	0	1
drugs2	- 1	0	1
drugs3	0	1	- 1
drugs4	0	- 1	- 1

Tabelle 9-4

Nachfolgend werden nur die Anweisungen für die Benutzer-spezifischen Kontraste aufgeführt. Die Ausgabe ist praktisch identisch mit der der Standard-Kontraste im vorigen Beispiel.

mit R:

Auch hier dient natürlich wieder die Funktion `lm` zur Analyse der Kontraste. Lediglich die Spezifikation der Koeffizienten differiert erheblich. Die Werte müssen spaltenweise eingegeben, und z.B. mittels `cbind` zu einer Matrix mit 3 Spalten zusammengefasst werden. Doch Vorsicht: eigene Kontraste können in R nicht einfach über die Koeffizienten c_{ij} spezifiziert werden. Variante 1: Diese müssen zusätzlich als erste Spalte die Werte $(1/I,...,1/I)$ enthalten. Anschließend wird die Inverse der transponierten Matrix gebildet. Schließlich werden daraus die Spalten 2,..,k als Kontrastmatrix genommen. (Dies ist auch ausführlich in dem Skript des Institute for Digital Research and Education beschrieben.) Variante 2: Aus der Matrix C der eigenen Kontraste wird die Kontrastmatrix errechnet: $C*(C`*C)^{-1}$ . Die zweite Variante wird nachfogend verwendet, wobei `%*%` die Matrix-Mul-

tiplikation, `t(..)` die Transponierte und `solve(..)` die Inverse einer Matrix ist:

```
cmatrix <- cbind("A1-A2"=c(1,-1,0,0), "A3-A4"=c(0,0,1,-1),
   "A12-A34"=c(1,1,-1,-1))
cont <- cmatrix%*%(solve(t(cmatrix)%*%cmatrix))
contrasts(mydata2$drugs) <- cont
aovc <- lm(rx~group*drugs,mydata2)
summary(aovc)
```

mit SPSS:

Hier ist nur eine kleine Modifikation der Anweisungen des letzten Beispiels erforderlich. Die Kontrast-Anweisung lautet:

```
/Contrast(drugs) = Special(1 -1 0 0   0 0 1 -1   1 1 -1 -1)
```

Die Ausführungen dieses Abschnitts gelten gleichermaßen für Analysen mit Messwiederholungen.

9. 5 universelles Verfahren für Kontraste

Wenn die nichtparametrische Varianzanalyse nicht auf die parametrische zurückgeführt werden kann, steht damit auch nicht mehr die Kontrastfunktionalität der Standardroutinen von R und SPSS zur Verfügung. D.h. man verfügt nur über die Funktion zur Durchführung einer Varianzanalyse. Damit lassen sich aber immerhin durch passendes Umkodieren der Gruppen/Faktorvariablen sowohl zwei Gruppen vergleichen als auch Gruppen von Gruppen vergleichen. Das soll wieder am oben verwendeten Datensatz 2 (`mydata2`) erläutert werden.

Es sollen die Kontraste aus Tabelle 9-4 getestet werden. Vor jedem der drei Vergleiche muss die Gruppenvariable `drugs` so umkodiert werden, dass jeweils nicht verwendete Werte auf Missing gesetzt werden. Dies erfolgt mit einer Hilfsvariablen `d`.

mit R:

Die Kontraste sollen im Anschluss an eine Kruskal-Wallis-Varianzanalyse durchgeführt werden. Es wird darauf aufmerksam gemacht, dass die levels-Angaben aus der `factor`-Definition der Gruppierungsvariablen (hier `drugs`) auf `d` übertragen werden, aber anschließend nicht mehr stimmen, da die Anzahl der Stufen von `d` auf zwei reduziert wurde. Das kann bei verschiedenen Funktionen zu Problemen führen. Gegebenenfalls muss dies in einer `factor`-Anweisung korrigiert werden.

```
kruskal.test(mydata2$x,drugs) # gloabler Vergleich

d <- mydata2$drugs            # Vergleich 1-2
d[d==3|d==4] <- NA
d<-factor(d,levels=c(1,2))
kruskal.test(mydata2$x,d)

d <- mydata2$drugs            # Vergleich 3-4
d[d==1|d==2] <- NA
d<-factor(d,levels=c(3,4))
kruskal.test(mydata2$x,d)

d <- mydata2$drugs            # Vergleich (1,2)-(3,4)
d[d==1|d==2] <- 1
d[d==3|d==4] <- 4
d<-factor(d,levels=c(1,4))
kruskal.test(mydata2$x,d)
```

Der globale χ^2-Wert beträgt 11,2 . Die χ^2-Werte der drei Kontraste: 1,97 (1-2), 2,61 (3-4) und 7,32 ((1,2)-(3,4)) mit der Summe von 11,9, die ungefähr dem globalen Wert entspricht, da die Kontraste orthogonal sind.

mit SPSS:

Die Kontraste sollen im Anschluss an eine Kruskal-Wallis-Varianzanalyse durchgeführt werden.

```
NPtests /independent test (x) group (drugs) Kruskal_Wallis.

* Vergleich 1-2 .
Recode drugs (1=1) (2=2) (3,4=sysmis) into d.
NPtests /independent test (x) group (d) Kruskal_Wallis.

* Vergleich 3-4 .
Recode drugs (3=3) (4=4) (1,2=sysmis) into d.
NPtests /independent test (x) group (d) Kruskal_Wallis.

* Vergleich (1,2)-(3,4) .
Recode drugs (1,2=1) (3,4=4) into d.
NPtests /independent test (x) group (d) Kruskal_Wallis.
```

Der globale χ^2-Wert beträgt 11,2 . Die χ^2-Werte der drei Kontraste: 1,97 (1-2), 2,61 (3-4) und 7,32 ((1,2)-(3,4)) mit der Summe von 11,9, die ungefähr dem globalen Wert entspricht, da die Kontraste orthogonal sind.

Aus diesem Beispiel geht das generelle Prozedere hervor. So lassen sich auch die im vorigen Abschnitt vorgenommenen Vergleiche der `drugs2,..,drugs4` gegen `drugs1` durchführen.

9. 6 Kontraste bei logistischen Regressionen

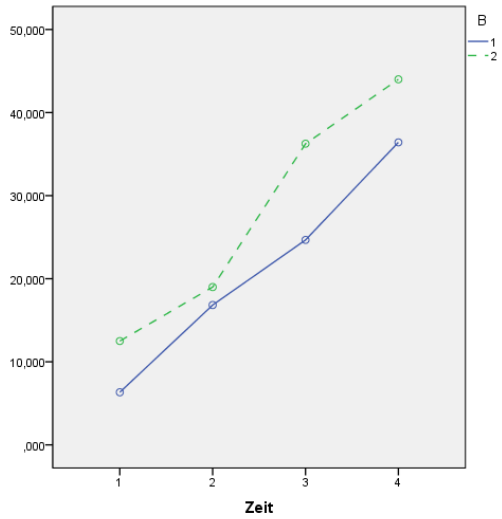
Bei der logistischen Regression gibt es für nominale Prädiktoren Standard-Kontraste. Wenn in R ein Prädiktor als „factor“ deklariert ist, wird für diesen automatisch die Kodierung gewählt, die in der `options(contrasts...)`-Anweisung festgelegt wurde (vgl. Kapitel 9.3). In SPSS kann bei der binär-logistischen Regression wie oben in 9.3 dargestellt die Kodierung gewählt werden. Speziellere Kontraste müssen wie oben in 9.5 skizziert über Umkodierungen analysiert werden. Beispiele sind in Kapitel 8 zu finden.

9. 7 Kontraste für Messwiederholungen und Interaktionen

Aus dem eingangs (Kapitel 9.1) angeführten Signifikanztest für einen Kontrast kann abgelesen werden, dass dafür lediglich die Varianz MS_{Error} erforderlich ist, die praktisch den Nenner des entsprechenden F-Tests für den untersuchten Effekt darstellt. Somit sind zumindest im Fall der RT-, ART-, INT- und Puri & Sen-Verfahren Kontrastanalysen gleichermaßen für Versuchspläne mit Messwiederholungen durchführbar.

Sind für zwei Faktoren A und B Kontraste festgelegt worden, *I-1* Kontraste für A sowie *J-1* Kontraste für B, so resultieren aus den Produkten der jeweiligen Kontraste *(I-1)(J-1)* Kontraste für die Interaktion A*B. Mathematisch lassen sich diese als Kronecker-Produkt der Kontraste von A und B errechnen. Damit lassen sich auch Interaktionen im Detail untersuchen. Sind in R bzw. SPSS für zwei Faktoren A und B Kontraste definiert worden, so werden automatisch auch diese Kontraste für die Interaktion A*B ausgegeben.

Dies soll am Datensatz 6 (`winer568`) demonstriert werden. Dieser umfasst die Gruppierungsfaktoren A und B sowie den Messwiederholungsfaktor `Zeit`. Tabelle 6-7 in Kapitel 6.5.3 enthielt die Anova-Tabelle für das RT-Verfahren. Die Signifikanzen waren dort mittels des ART-Verfahrens verifiziert worden, so dass problemlos die einfach rangtransformierten Daten verwendet werden können. Hier soll jetzt die Interaktion B*Zeit näher betrachtet werden. Hierbei besteht die Vermutung, dass zwischen je zwei aufeinanderfolgenden Zeitpunkten der Anstieg der Werte für die Gruppen von B unterschiedlich stark verläuft.



*Interaktionsplot B*Zeit*

Hierzu werden für den Faktor `Zeit` die Standard-Kontraste „wiederholt“ festgelegt, bei denen die Zeitpunkte 1-2. 2-3 und 3-4 verglichen werden, sowie für Faktor B die Effekt-Kodierung

mit SPSS:

Hierzu werden zunächst analog den Berechnungen in Kapitel 6.3 die Daten umstrukturiert, so dass aus den Variablen `V1,..,V4` eine Variable `V` entsteht. Anschließend wird diese Kriteriumsvariable `V` über alle Faktoren A, B und Zeit hinweg in Ränge transformiert (Variable `RV`) und schließlich die Daten wieder in die ursprüngliche Form zurücktransformiert, woraus u.a. die Messwiederholungsvariablen `RV.1,..,RV.4` gebildet werden. Mit diesen Daten kann nun die Varianzanalyse durchgeführt werden. Im Unterkommando `wsfactor` werden mit `Repeated` die gewünschten Kontraste für `Zeit` festgelegt, im Unterkommando `contrast` für die Gruppierungsfaktoren A und B.

```
GLM RV.1 RV.2 RV.3 RV.4 by A B
  /wsfactor=Zeit 4 Repeated
  /contrast(A)=Deviation
  /contrast(B)=Deviation
  /plot=profile(Zeit*B)
  /wsdesign=Zeit
  /design=A B A*B.
```

Die Ergebnisse der Varianzanalyse sind in Tabelle 6-7 (Kapitel 6.5.3) zusammengefasst (dort allerdings in der Ausgabe von R). Nachfolgend nun die Ausgabe der Kontraste für den Faktor `Zeit`.

Hier interessieren die Ergebnisse des letzten Blocks Zeit*B. Daraus geht hervor, dass (vermutlich wegen der geringen Fallzahl) nur zwischen den Zeitpunkten 2 und 3 („Niveau 2 vs. Niveau 3“) ein unterschiedlich starker Anstieg der Werte nachgewiesen werden kann.

Tests der Innersubjektkontraste						
Quelle	Zeit	Quadratsumme vom Typ III	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
Zeit	Niveau 1 vs. Niveau 2	867,000	1	867,000	71,383	,000
	Niveau 2 vs. Niveau 3	1887,521	1	1887,521	122,932	,000
	Niveau 3 vs. Niveau 4	1140,750	1	1140,750	86,777	,000
Zeit * A	Niveau 1 vs. Niveau 2	800,333	1	800,333	65,894	,000
	Niveau 2 vs. Niveau 3	379,688	1	379,688	24,729	,001
	Niveau 3 vs. Niveau 4	280,333	1	280,333	21,325	,002
Zeit * B	Niveau 1 vs. Niveau 2	48,000	1	48,000	3,952	,082
	Niveau 2 vs. Niveau 3	266,021	1	266,021	17,326	,003
	Niveau 3 vs. Niveau 4	48,000	1	48,000	3,651	,092

mit R:

Ausgangsbasis ist der in Kapitel 6.5.3 erstellte Datensatz `winer568t`.

- Zunächst müssen für die Faktoren die Kontraste festgelegt werden. Da die Standard-Kontraste „wiederholt“ in R nicht verfügbar sind, müssen diese als Koeffizienten-Matrix vorgegeben werden.
- Für A und B bietet `contr.sum` die Effekt-Kodierung.
- Die Kontraste werden hier über die Funktion `gls` des Pakets `nlme` getestet. Allerdings muss in diesem Fall der Faktor `Zeit` als Messwiederholungsfaktor deklariert werden. Dies erfolgt in `gls` über die Spezifikation der Fallkennung (`Vpn`) sowie der Struktur für die Kovarianzen der Messwiederholungsvariablen, die hier mit „*compound symmetry*“ festgelegt wird, was der sonst üblichen Sphärizität entspricht (vgl. Kapitel 5.2):
  `corr = corCompSymm(, form= ~ 1 | Vpn)`

Die Kommandos lauten dann:

```
library(nlme)
cont4 <- matrix( c(1,-1,0,0,  0,1,-1,0,  0,0,1,-1), ncol=3)
contrasts(winer568t$Zeit) <- cont4
contrasts(winer568t$A)    <- contr.sum
contrasts(winer568t$B)    <- contr.sum
aovgls <- gls(Rx~A*B*Zeit, data=winer568t,
          corr = corCompSymm(, form= ~ 1 | Vpn))
summary(aovgls)
```

Zunächst vorab die oben erzeugte Kontrastmatrix `cont4`:

```
> cont4

     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    0    0
[2,]   -1    1    0
[3,]    0   -1    1
[4,]    0    0   -1
```

Hier der Teil der Ausgabe, der die Kontrast-Tests enthält:

```
Coefficients:
                Value Std.Error    t-value p-value
(Intercept)  24.500000 1.2012621  20.395216  0.0000
A1            2.187500 1.2012621   1.821001  0.0780
B1           -3.437500 1.2012621  -2.861574  0.0074
Zeit1       -15.083333 0.7663867 -19.681101  0.0000
Zeit2       -21.666667 0.8849471 -24.483573  0.0000
Zeit3       -15.708333 0.7663867 -20.496616  0.0000
A1:B1         0.500000 1.2012621   0.416229  0.6800
A1:Zeit1     -2.104167 0.7663867  -2.745568  0.0098
A1:Zeit2      3.958333 0.8849471   4.472960  0.0001
A1:Zeit3      4.395833 0.7663867   5.735790  0.0000
B1:Zeit1      0.354167 0.7663867   0.462125  0.6471
B1:Zeit2      2.708333 0.8849471   3.060447  0.0044
B1:Zeit3      0.354167 0.7663867   0.462125  0.6471
A1:B1:Zeit1   0.750000 0.7663867   0.978618  0.3351
A1:B1:Zeit2   1.500000 0.8849471   1.695017  0.0998
A1:B1:Zeit3   0.875000 0.7663867   1.141721  0.2620
```

Hier interessieren die Ergebnisse der Zeilen `B1:Zeit`. Daraus geht hervor, dass (vermutlich wegen der geringen Fallzahl) nur zwischen den Zeitpunkten 2 und 3 (`B1:Zeit2`) ein unterschiedlich starker Anstieg der Werte nachgewiesen werden kann.

Anzumerken ist noch, dass über `anova(aovgls)` auch eine Anova-Tabelle erzeugt werden kann:

```
Denom. DF: 32
            numDF     F-value p-value
(Intercept)     1 415.9648513  <.0001
A               1   3.3160463  0.0780
B               1   8.1886042  0.0074
Zeit            3 235.4226927  <.0001
A:B             1   0.1732465  0.6800
A:Zeit          3  25.8348225  <.0001
B:Zeit          3   4.8246777  0.0070
A:B:Zeit        3   0.9709950  0.4185
```

Abschließend noch zur Illustration die Kontraste für den Interaktionseffekt, die sich als Kronecker-Produkt, in R über den Operator %x%, errechnen lassen:

```
> contrasts(win568t$A)
  [,1]
1    1
2   -1
> contrasts(win568t$Zeit)
  [,1] [,2] [,3]
1    1    0    0
2   -1    1    0
3    0   -1    1
4    0    0   -1
```

```
> contrasts(win568t$A)%x%contrasts(win568t$Zeit)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    0    0
[2,]   -1    1    0
[3,]    0   -1    1
[4,]    0    0   -1
[5,]   -1    0    0
[6,]    1   -1    0
[7,]    0    1   -1
[8,]    0    0    1
```

9. 8 Zusammenfassen von Kontrasten

In den vorangegangenen Abschnitten dienten die Kontraste primär dazu, den Effekt eines (signifikanten) Faktors zu erklären. Kontraste können aber auch die umgekehrte Funktion haben: aus mehreren Kontrasten eines Faktors einen Test für diesen zu ermitteln. Anzumerken ist vielleicht, dass dies auch die implizite Vorgehensweise bei linearen Modellen, und damit auch bei der Varianzanalyse, ist, wovon der normale Anwender allerdings nichts merkt. Denn zum einen muss er keine Kontraste vorgeben und zum anderen werden daraus automatisch für alle Effekte Tests ausgegeben werden. Wann aber ist es erforderlich, aus Kontrasten den Test für einen Faktor abzuleiten? Zahlreiche Funktionen für die Methoden zur Durchführung einer logistischen Regression mit und ohne Messwiederholungen, das sind insbesondere die in 2.15 erwähnten GEE (*Generalized Estimating Equations*) sowie die GLMM (*Generalized Linear Mixed Models*), geben lediglich Tests für die Kontraste bzw. für die Modell-Parameter aus, nicht jedoch einen „Gesamttest“ (*anova-like test*) für einen Faktor oder eine Interaktion. Nachfolgend wird kurz skizziert, wie aus den Tests der Kontraste für einen Faktor näherungsweise ein Gesamttest ermittelt werden kann.

Eine Voraussetzung dafür: die Kontraste müssen orthogonal sein. Dies sind z.B. die, die man in R mittels `contr.sum` bzw. in SPSS über `deviation` (vgl. Kapitel 9.2) erhält. Die Funktionen geben für jeden Kontrast immer eine Testgröße aus, nämlich den Quotienten aus Parameterschätzung und Schätzfehler. Dieser ist normalerweise ein z-Wert, der für größere *n* immer normalverteilt ist, gelegentlich auch einen t-Wert, der allerdings wie ein z-Wert behandelt werden kann. Die folgende Vorgehensweise setzt Unabhängigkeit der Parameterschätzungen voraus und ist eher ein Notbehelf:

- Durch Quadrieren jedes z-Wertes erhält man jeweils einen χ^2-Wert, was der Prüfstatistik des *Wald-Tests* entspricht - verschiedentlich wird auch direkt dieser Test ausgegeben.
- Aufsummieren der χ^2-Werte aller Kontraste, die zu einem Effekt gehören, was wiederum einen χ^2-Wert ergibt.
- Testen dieser Summe auf Signifkanz anhand der χ^2-Verteilung, wobei die Anzahl der Freiheitsgrade der Anzahl Summanden entspricht.

Beispiele dazu sind in den Kapiteln 8.2 und 8.4 zu finden.

Es gibt aber auch „klassische“ Verfahren hierfür, wovon der Wald-Test der bekannteste sein dürfte, in der einfachsten Form:

$$\hat{\beta}' V_{\beta}^{-1} \hat{\beta}$$

wobei $\hat{\beta}$ die Parameterschätzungen und V_β die dazugehörige Kovarianzmatrix sind. Diese Statistik ist χ^2-verteilt und hat so viele Freiheitsgrade wie die entsprechende F-Statistik der Varianzanalyse Zählerfreiheitsgrade hat, also z.B. *k-1* für den Test eines Haupteffekts. Wenn die $\hat{\beta}$ unabhängig sind, also V_β die Einheitsmatrix, ist diese Statistik mit der oben beschriebenen identisch. Diese wird auch mit Wald-Test vom Typ III bezeichnet, zur Unterscheidung von dem Wald-Test vom Typ II, der die Haupteffekte stärker bewertet und den Interaktionseffekt schwächer. Letzterer wird z.B. für GLMM-Verfahren empfohlen vom Fox & Weisberg (2011, Kapitel 4.4.4). Der Wald-Test kann auch in einen F-Test transformiert werden, was insbesondere für kleinere Stichproben vorteilhaft ist. Alle 3 sind in der Funktion `Anova` im R-Paket `car` verfügbar, die allerdings nur auf wenige Ergenbnis-Objekte anwendbar ist. Alternativ werden die Funktionen `gee.anova` und `gee.robanova` für den Wald-Test bzw. eine robuste Variante des Wald-Tests nach Fan & Zhang (2014) angeboten (vgl. Anhang 3), insbesondere für die Anwendung auf GEE- und GLMM-Ergebnisse. Beide Funktionen erwarten als Argumente die Koeffizienten, die Kovarianzmatraix, die Freiheitsgrade sowie die Fallzahl *n* (nur `gee.anova`)

An dieser Stelle ist auch die Funktion `anova` zu erwähnen, die in R häufig in Zusammenhang mit der logistischen Regression angeführt wird. Deren Gebrauch ist allerdings problematisch, da das Ergebnis von der Reihenfolge der Faktoren abhängig ist. Ein weiteres Verfahren, um aus mehreren Kontrasten einen varianzanalytischen Test zu erhalten, ist der Likelihood-Ratio-Test (LR), der ebenfalls in der o.a. Funktion `Anova` enthalten ist.

10. Simple effects - einfache Effekte

In Kapitel 4.3.1.4 war darauf hingewiesen worden, dass bei mehrfaktoriellen Varianzanalysen (globale) Haupteffekte von Faktoren nicht interpretiert werden dürfen, wenn diese in signifikanten Interaktionen enthalten sind. Ist z.B. bei Faktoren A, B und C die Interaktion AC signifikant, so können die Haupteffekte der Faktoren A und C nicht interpretiert werden, da sowohl Faktor A sich für die einzelnen Stufen von C unterschiedlich verhält, wie auch Faktor C für die einzelnen Stufen von A. Statt dessen ist die Analyse dieser Faktoren über sog. *simple effects* (*einfache Effekte*) erforderlich. Dies sind 1-faktorielle Varianzanalysen eines Faktors, z.B. A, für jede Stufe des anderen Faktors, z.B. C. Im parametrischen Fall jedoch mit einem kleinen Unterschied: die Fehlerterme und Freiheitsgrade für die 1-faktoriellen F-Tests werden aus der globalen 2- oder 3-faktoriellen Analyse übernommen. Diese Analysen zeigen nun detailliert auf, in welchen Fällen der Faktor A oder C überhaupt einen Einfluss hat, oder aber für welche Stufen von C der Einfluss von A geringer ist bzw. für welche der Einfluss größer ist. Dazu kann sowohl Faktor A für jede der Stufen von Faktor C als auch Faktor C für jede der Stufen von Faktor A untersucht werden. Man kann sich dann aussuchen, welche Variante bessere Interprätationsmöglichkeiten bietet. Eine visuelle Hilfe bieten dabei auch die Interaktionsplots (vgl. Kapitel 4.3.1.2). In R und SPSS sind zum Teil Routinen zur Analyse der simple effects vorhanden.

10. 1 Unabhängige Stichproben

Zunächst soll die exakte Analyse der simple effects erklärt werden, wie sie z.B. bei Winer (1991, pp 419-432) beschrieben ist, und zwar am Beispieldatensatz `mydata1`, bei dem ein signifikanter Interaktionseffekt von `patients` (A) und `drug` (B) besteht (vgl. Tabellen 4-1 für R bzw. 4-3 für SPSS). Soll z.B. der Faktor B für die 2 Stufen von Faktor A untersucht werden, dann werden 2 1-faktorielle Analysen von `drug` für die Gruppen `patients=1` und `patients=2` durchgeführt. Dabei erhält man 2 Streuungsquadratsummen: $SS_{B(a=1)}$ und $SS_{B(a=2)}$, entsprechende Freiheitsgrade (jeweils 2) und Varianzen. Diese werden aber mittels F-Test nicht zu dem Fehlerterm der 1-faktoriellen Analyse in Bezug gesetzt, sondern zu dem der globalen 2-faktoriellen Analyse: 106.0 mit 12 FG. Dazu kurz die Analysen mit R:

Zunächst noch einmal die globale Analyse:

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
patients       1     72   72.00   8.151 0.01449 *
drug           2     48   24.00   2.717 0.10634
patients:drug  2    144   72.00   8.151 0.00581 **
Residuals     12    106    8.83
```

Die beiden 1-faktoriellen Analysen (mit Kommando):

```
> summary(aov(x~drug,subset(mydata1,patients=="1")))
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
drug         2     24      12     1.5  0.296
Residuals    6     48       8

> summary(aov(x~drug,subset(mydata1,patients=="2")))
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
drug         2    168   84.00    8.69 0.0169 *
Residuals    6     58    9.67
```

Hieraus resultieren $SS_{B(a=1)}$=24 und $SS_{B(a=2)}$=168 sowie die Varianzen $MS_{B(a=1)}$=12 und $MS_{B(a=2)}$=84. Da die globale Fehlervarianz 106.0/12=8.33 ist, erhält man für die simple effects die F- bzw. p-Werte $F_{B(a=1)}$=1.44 (p=0.275) und $F_{B(a=2)}$=10.08 (p=0.003).

In der Regel werden die F-Werte der simple effects eher im signifikanten Bereich liegen als die der normalen 1-faktoriellen Analyse, da wie in Kapitel 4.3.1.3 dargelegt durch die Einbeziehung weiterer Faktoren die Fehlervarianz reduziert wird. Verschiedentlich wird der Einwand geäußert, dass wegen der mehrfachen Tests eine α-Adjustierung vorgenommen werden müsste. Winer (1991) erwähnt zwar diese Option, hält sie aber nicht für erforderlich. Nachfolgend werden die Verfahren in R und SPSS vorgestellt.

mit R:

Zunächst wird die 2-faktorielle Varianzanalyse durchgeführt, anschließend über `testInteractions` aus dem Paket `phia` zunächst der Faktor `patients` für die 3 Stufen von Faktor `drug` analysiert, danach der Faktor `drug` für die beiden Stufen von `patients`, wobei standardmäßig eine α-Adjustierung vorgenommen wird, und zwar die Methode von Holm. Soll dies vermieden werden, ist explitit "none" anzugeben:

```
library(phia)
ano1<-aov(x~patients*drug,mydata1)
testInteractions(ano1,fixed="drug",across="patients",adjustment="none")
testInteractions(ano1,fixed="patients",across="drug",adjustment="none")
```

Nachfolgend nur die Ausgabe von `testInteractions`:

```
P-value adjustment method: none
          Value Df Sum of Sq      F  Pr(>F)
1            -8  1        96 10.868 0.00638 **
2             4  1        24  2.717 0.12520
3            -8  1        96 10.868 0.00638 **
Residuals    12       106
```

```
P-value adjustment method: none
          drug1 drug2 Df Sum of Sq      F   Pr(>F)
1            -2     2  2        24 1.3585 0.293883
2            -2   -10  2       168 9.5094 0.003352 **
Residuals             12       106
```

Hieraus ist ersichtlich, dass zum einen ein Geschlechtsunterschied nur bei drug 1 und 3 besteht und zum anderen der Faktor drug nur bei Frauen einen Einfluss hat.

mit SPSS:

Die erforderlichen Kommandos sind im Wesentlichen die in Kapitel 4.3.2 angegebenen, jedoch ergänzt um die `EMMEANS`-Kommandos, bei denen zunächst der zu analysierende Interaktionseffekt anzugeben ist und bei `COMPARE` der zu analysierende Faktor. Nachfolgend zunächst A für die B-Stufen sowie B für die A-Stufen:

```
UNIANOVA  x by patients drug
  /EMMEANS=TABLES(patients*drug) COMPARE (patients) ADJ(LSD)
  /EMMEANS=TABLES(patients*drug) COMPARE (drug) ADJ(LSD)
  /DESIGN = patients drug patients*drug.
```

Nach der 2-faktoriellen Varianzanalyse wird zunächst der Faktor `patients` für die 3 Stufen von Faktor `drug` analysiert,

Tests auf Univariate

		Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
1	Kontrast	96,000	1	96,000	10,868	,006
	Fehler	106,000	12	8,833		
2	Kontrast	24,000	1	24,000	2,717	,125
	Fehler	106,000	12	8,833		
3	Kontrast	96,000	1	96,000	10,868	,006
	Fehler	106,000	12	8,833		

anschließend der Faktor `drug` für die beiden Stufen von `patients`:

Tests auf Univariate

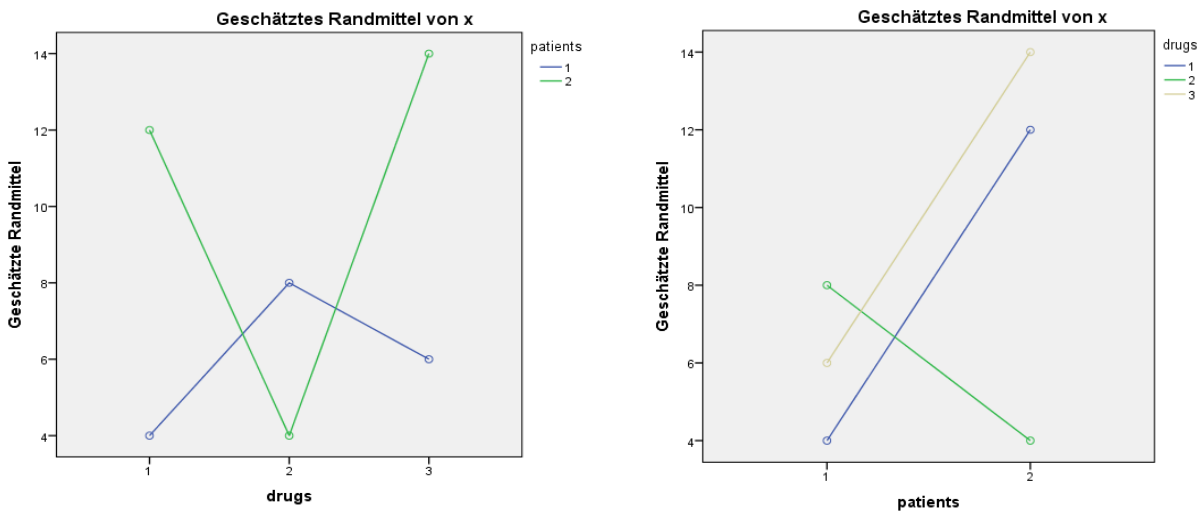
		Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
1	Kontrast	24,000	2	12,000	1,358	,294
	Fehler	106,000	12	8,833		
2	Kontrast	168,000	2	84,000	9,509	,003
	Fehler	106,000	12	8,833		

hieran schließen sich, ausgelöst durch den Befehl `POSTHOC=drug(TUKEY)`, paarweise Mittelwertvergleiche nach dem Verfahren von Tukey für den Faktor `drug` an, da dieser mehr als 2 Stufen hat:

Paarweise Vergleiche

	(I)	(J)	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Sig.[b]	95% Konfidenzintervall für die Differenz[b]	
						Untergrenze	Obergrenze
1	1	2	-4,000	2,427	,125	-9,287	1,287
		3	-2,000	2,427	,426	-7,287	3,287
	2	1	4,000	2,427	,125	-1,287	9,287
		3	2,000	2,427	,426	-3,287	7,287
	3	1	2,000	2,427	,426	-3,287	7,287
		2	-2,000	2,427	,426	-7,287	3,287
2	1	2	8,000*	2,427	,006	2,713	13,287
		3	-2,000	2,427	,426	-7,287	3,287
	2	1	-8,000*	2,427	,006	-13,287	-2,713
		3	-10,000*	2,427	,001	-15,287	-4,713
	3	1	2,000	2,427	,426	-3,287	7,287
		2	10,000*	2,427	,001	4,713	15,287

Als Ergebnis zeigt sich, dass die beiden Patientengruppen sich nur bei den Präparaten 1 und 3 unterscheiden, nicht jedoch bei Präparat 2. Umgekehrt unterscheiden sich die 3 Präparate nur in der 2. Patientengruppe. Wie oben erwähnt helfen hier die Interaktionsplot bei der Interpretation der Ergebnisse:



Interaktionsplots zur Visualisierung der simple effects in beiden Ansichten

Diese simple effects-Analyse lässt sich natürlich problemlos auf die nichtparametrischen Methoden RT, INT und ART bzw. ART+INT übertragen. Für die anderen Methoden wie Puri & Sen, van der Waerden oder ATS gibt es nur die Möglichkeit, die „normalen" 1-faktoriellen Analysen durchzuführen.

10. 2 Gemischte Versuchspläne

Bei gemischten Versuchsplänen, also solchen mit mindestens einem Gruppierungsfaktor und einem Messwiederholungsfaktor ist das Prinzip dasselbe wie oben erläutert: Zur Analyse eines Faktors werden 1-faktorielle Analysen für jede Stufe eines anderen Faktors gerechnet, und die resultierenden Varianzen, z.B. $MS_{B(A=1)}$, $MS_{B(A=2)}$,.., werden für den F-Test zu der Fehlervarianz der globalen Varianzanalyse in Bezug gesetzt, die auch für den entsprechenden Test des globalen Haupteffekts verwendet wird. Wird z.B. ein Gruppierungsfaktor für die einzelnen Messwiederholungen analysiert, so ist dies die Streuung zwischen den Versuchspersonen, bei R (vgl. Tabelle 6-1) die Zeile `Residuals` im ersten Block (`Error: Vpn`) bzw. bei SPSS (vgl. Tabelle 6-3) die Zeile `Fehler` im Block `Zwischensubjekteffekte`. Wird ein Messwiederholungsfaktor für die Gruppen eines Gruppierungsfaktors analysiert, so ist dies die Streuung innerhalb der Versuchspersonen, bei R (vgl. Tabelle 6-1) die Zeile `Residuals` im zweiten Block (`Error: Vpn:...`) bzw. bei SPSS (vgl. Tabelle 6-3) die Zeile `Fehler(...)` im Block `Innersubjekteffekte`. Das Verfahren ist bei Winer (1991, pp 526-531) beschrieben.

Ein Beispiel soll mit dem Datensatz winer518 gerechnet werden, der ebenfalls eine signifikante Interaktion aufzeigt (vgl. Tabellen 6-1 und 6-3).

mit R:

Die o.a. Funktion `testInteractions` für R kann leider keine gemischten Versuchspläne verarbeiten. Allerdings wird eine Funktion `simple.effects` vom Autor angeboten (vgl. Anhang 3.13), die sowohl bei Versuchsplänen mit mehreren Gruppierungsfaktoren wie auch mit maximal einem Messwiederholungsfaktor die Analyse von simple effects durchführt. Die erforderlichen Anweisungen (vgl. auch Tabelle 6-1):

```
aov1 <- aov(score~Geschlecht*Zeit+Error(Vpn/Zeit),winer518t)
simple.effects(aov1,"Geschlecht*Zeit",winer518t)
```

Hierbei sind das Ergebnis der Varianzanalyse (`aov1`), der verwendete Dataframe (`winer518t`) sowie die zu analysierende Interaktion anzugeben. Sollen in einem mehrfaktoriellen Versuchsplan mehrere Interaktionen aufgeschlüsselt werden, so sind diese über `c(..,..)` zusammenzufassen. Optional kann eine α-Adustierung über `adjust=..` (vgl. R-Funktion `p.adjust)` angefordert werden. Die Ausgabe:

```
Response: score
                     Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Geschlecht (Zeit=T1)  1  8.100   8.100  1.1462 0.3156
Geschlecht (Zeit=T2)  1 40.000  40.000  5.6604 0.0446 *
Geschlecht (Zeit=T3)  1  0.100   0.100  0.0142 0.9082
Error (Geschlecht)    8 56.533   7.067
Zeit (Geschlecht=1)   2 41.200  20.600 15.6456 0.0002 ***
Zeit (Geschlecht=2)   2 61.733  30.867 23.4430 <2e-16 ***
Error (Zeit)         16 21.067   1.317
```

Das Ergebnis zeigt, dass zum einen ein Unterschied zwischen Männer und Frauen nur zum Zeitpunkt 2 besteht und zum anderen die Ergebnisse sich zu den 3 Zeitpunkten unterscheiden, sowohl für Männer als auch für Frauen (vgl. auch Grafiken weiter unten).

mit SPSS:

Die erforderlichen Kommandos sind im Wesentlichen die in Kapitel 6.2 angegebenen, jedoch ergänzt um die `EMMEANS`-Kommandos, bei denen zunächst der zu analysierende Interaktionseffekt anzugeben ist und bei `COMPARE` der zu analysierende Faktor. Nachfolgend zunächst `Geschlecht` für die `Zeit`-Stufen sowie `Zeit` für die `Geschlecht`-Stufen:

```
GLM t1 t2 t3 by Geschlecht
/wsfactor=Zeit 3 polynomial
/wsdesign=Zeit
/design=Geschlecht
/EMMEANS=TABLES(Geschlecht*Zeit) COMPARE (Geschlecht) ADJ(LSD)
/EMMEANS=TABLES(Geschlecht*Zeit) COMPARE (Zeit) ADJ(LSD).
```

Die Ausgabe umfasst nach der globalen Varianzanalyse zunächst die Tests des Faktors `Geschlecht` für die 3 Zeitstufen, sowie eine Tabelle der Mittelwertvergleiche,

Tests auf Univariate

Zeit		Quadratsumme	df	Mittel der Quadrate	F	Sig.
1	Kontrast	8,100	1	8,100	2,613	,145
	Fehler	24,800	8	3,100		
2	Kontrast	40,000	1	40,000	14,286	,005
	Fehler	22,400	8	2,800		
3	Kontrast	,100	1	,100	,026	,875
	Fehler	30,400	8	3,800		

Paarweise Vergleiche

Zeit	(I)	(J)	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Sig.[b]	95% Konfidenzintervall für die Differenz[b]	
						Untergrenze	Obergrenze
1	1	2	-1,800	1,114	,145	-4,368	,768
	2	1	1,800	1,114	,145	-,768	4,368
2	1	2	4,000*	1,058	,005	1,560	6,440
	2	1	-4,000*	1,058	,005	-6,440	-1,560
3	1	2	-,200	1,233	,875	-3,043	2,643
	2	1	,200	1,233	,875	-2,643	3,043

danach die Tests des Faktors `Zeit` für die beiden Gruppen, ebenfalls gefolgt von einer Tabelle der Mittelwertvergleiche. Allerdings werden für den Messwiederholungsfaktor die multivariaten Tests (vgl. Kapitel 5.3.9) anstatt der „normalen“ F-Tests ausgegeben:

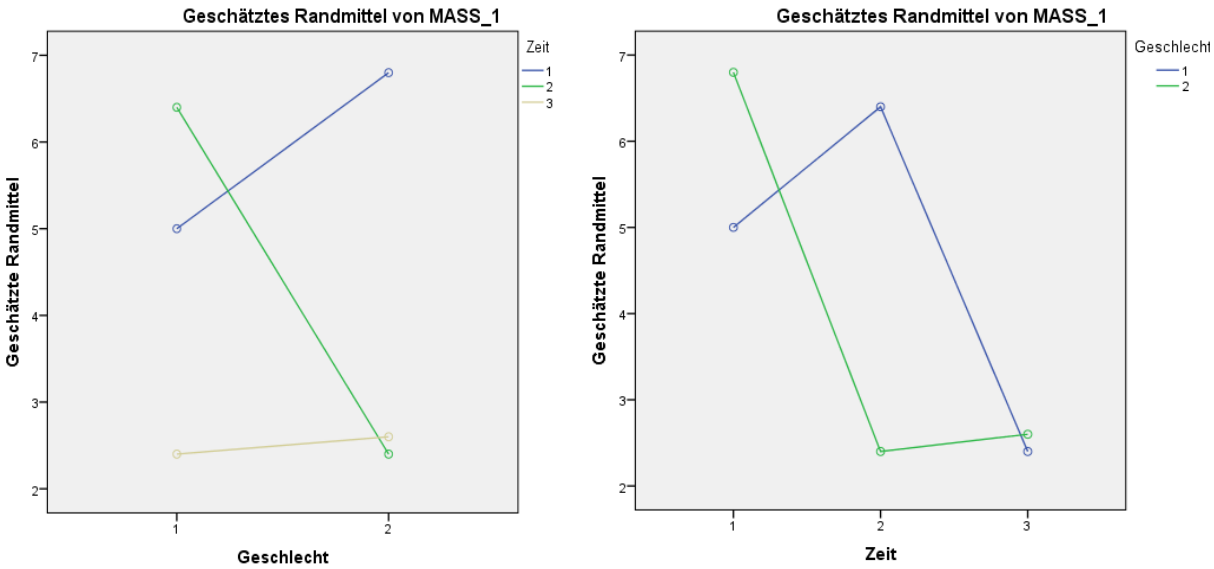
Multivariate Tests

		Wert	F	Hypothese df	Fehler df	Sig.
1	Pillai-Spur	,795	13,584[a]	2,000	7,000	,004
	Wilks-Lambda	,205	13,584[a]	2,000	7,000	,004
	Hotelling-Spur	3,881	13,584[a]	2,000	7,000	,004
	Größte charakteristische Wurzel nach Roy	3,881	13,584[a]	2,000	7,000	,004
2	Pillai-Spur	,864	22,230[a]	2,000	7,000	,001
	Wilks-Lambda	,136	22,230[a]	2,000	7,000	,001
	Hotelling-Spur	6,351	22,230[a]	2,000	7,000	,001
	Größte charakteristische Wurzel nach Roy	6,351	22,230[a]	2,000	7,000	,001

Paarweise Vergleiche

	(I)Zeit	(J)Zeit	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Sig.[b]	95% Konfidenzintervall für die Differenz[b]	
						Untergrenze	Obergrenze
1	1	2	-1,400	,640	,060	-2,877	,077
		3	2,600*	,806	,012	,741	4,459
	2	1	1,400	,640	,060	-,077	2,877
		3	4,000*	,721	,001	2,337	5,663
	3	1	-2,600*	,806	,012	-4,459	-,741
		2	-4,000*	,721	,001	-5,663	-2,337
2	1	2	4,400*	,640	,000	2,923	5,877
		3	4,200*	,806	,001	2,341	6,059
	2	1	-4,400*	,640	,000	-5,877	-2,923
		3	-,200	,721	,789	-1,863	1,463
	3	1	-4,200*	,806	,001	-6,059	-2,341
		2	,200	,721	,789	-1,463	1,863

Das Ergebnis zeigt, dass zum einen ein Unterschied zwischen Männer und Frauen nur zum Zeitpunkt 2 besteht (links grüne Linie) und zum anderen die Ergebnisse sich zu den 3 Zeitpunkten unterscheiden, sowohl für Männer als auch für Frauen, und zwar wie die Mittelwertvergleiche zeigen, bei den Männern (rechts blaue Linien) Zeitpunkte 1 und 2 von Zeitpunkt 3 und bei den Frauen (rechts grüne Linien) Zeitpunkt 1von den Zeitpunkten 2 und 3.



Interaktionsplots zur Visualisierung der simple effects in beiden Ansichten

Diese simple effects-Analyse lässt sich natürlich problemlos auf die nichtparametrischen Methoden RT, INT und ART bzw. ART+INT übertragen. Für die anderen Methoden wie Puri & Sen, van der Waerden oder ATS gibt es nur die Möglichkeit, die „normalen“ 1-faktoriellen Analysen durchzuführen.

11. Beipiele mit problematischen Datensätzen

Während in den vorangegangenen Kapiteln lediglich kleinere, überschaubare Datensätze behandelt wurden, bei denen in der Regel die passende Methode quasi auf der Hand lag, geht es in diesem Kapitel um die Bearbeitung von größeren Datensätzen, die manchmal einigen Aufwand erfordert. Da hier Varianzheterogenitäten im Vordergrund stehen, auf der anderen Seite SPSS dazu keine Lösungen bietet, beschränken sich die Beispiele auf R.

11. 1 Extrem heterogene Varianzen

Der Datensatz `ind.waste` (industrial waste) umfasst 2 Faktoren: Temperatur (low, medium, high) und die Komplexität der Produktionsbedingung (environment) mit Stufen 1,..,5. Die abhängige Variable ist die Abfallmenge (Waste). Für jede der insgesamt 15 Bedingungen liegen nur 2 Messungen vor. Dies kann zu beträchtlichen Schwankungen der Streuung zwischen den jeweils 2 Messungen führen.

		Environment				
	Temperatur	1	2	3	4	5
Mittelwerte	low	6.495	8.545	9.540	6.58	8.165
	medium	6.415	6.685	7.095	8.58	9.345
	high	7.755	9.585	9.085	11.56	11.415
Standard-abweichungen	low	0.841	0.856	0.438	1.626	1.789
	medium	0.841	0.714	1.082	0.127	0.389
	high	0.035	1.138	0.262	0.863	2.341

Wie problematisch der Datensatz ist, zeigt das Verhältnis der Standardabweichungen $\max(s_i)/\min(s_i)$: 2.341/0.035 = 66.89, d.h. ein Verhältnis von etwa 4474 für die Varianzen.

Prüft man die Varianzhomogenität mit dem Levene-Test, erhält man mit:

```
leveneTest(Waste~Temperatur*Environment,ind.waste)
leveneTest(Waste~Temperatur,ind.waste)
leveneTest(Waste~Environment,ind.waste)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df    F value    Pr(>F)
group 14 4.0688e+29 < 2.2e-16 ***

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  2  0.2571 0.7752

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  4   0.701 0.5986
```

d.h. die Tests der beiden Haupteffekte sind von der Varianzheterogenität nicht betroffen, wohl aber der Test der Interaktion. Daher wäre die „normale“ Varianzanalyse für den Test von Temperatur und Environment einsetzbar:

```
summary(aov(Waste~Temperatur*Environment,ind.waste))
```

```
                       Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Temperatur              2  30.69  15.346  13.063 0.000519 ***
Environment             4  24.68   6.171   5.253 0.007546 **
Temperatur:Environment  8  22.91   2.864   2.438 0.065134 .
Residuals              15  17.62   1.175
```

die beide als signifikant ausgewiesen werden. Es bleibt der Test der Interaktion, dann mit einem Verfahren für inhomogene Varianzen, da die nichtparametrischen Methoden, wie etwa INT, die Varianzinhomogenität nicht mildern können:

```
ns.waste <- qnorm(rank(ind.waste$Waste)/(dim(ind.waste)[1]+1))
leveneTest(ns.waste~Temperatur*Environment,ind.waste)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df    F value    Pr(>F)
group 14 4.9823e+30 < 2.2e-16 ***
```

Für 2-faktorielle Versuchspläne stehen dazu in R zur Verfügung: ATS (vgl. Kapitel 2.9 und 4.3.8), Welch-James, Brown & Forsythe sowie BDM (vgl. 2.13 und 4.3.3). Wegen der extremen Bedingungen werden „vorsichtshalber“ alle Verfahren durchgerechnet:

```
ats.2(Waste~Temperatur*Environment,ind.waste)
```

```
                             Df   F value     Pr(>F)
Temperatur             1.856124 12.447298 0.01159451
Environment            2.987679  6.498499 0.03479792
Temperatur*Environment 4.102722  3.006421 0.12764763
```

```
wj.anova(ind.waste,"Waste","Temperatur","Environment")
```

```
                           Chi Sq   df  P(Chi>value)
Temperatur               25.65739    2    0.00450955
Environment              29.93999    4    0.01850815
Temperatur : Environment 26.44512    8    0.23550000
```

```
bf.f(Waste~Temperatur*Environment,ind.waste)
```

```
Response: Waste
                       Df  Df.err Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Temperatur              2 25.5059 30.693 15.3464  6.3533 0.005768 **
Environment             4 18.0464 24.685  6.1713  2.1661 0.114138
Temperatur:Environment  8  5.8907 22.912  2.8639  2.4378 0.149116
Residuals              15         17.622  1.1748
```

```
library(GFD)
GFD(Waste~Temperatur*Environment,ind.waste,nperm=1)
```

```
ANOVA-Type Statistic (ATS):
                       Test statistic      df1      df2    p-value
Temperatur                  13.063178 1.852204 5.890664 0.00723086
Environment                  5.253177 2.742812 5.890664 0.04337361
Temperatur:Environment       2.437850 4.373908 5.890664 0.15834953
```

Erfreulicherweise sagen die Ergebnisse weitgehend dasselbe aus: Der oben schon erkannte signifikante Einfluss der beiden Haupteffekate kann als gesichert angesehen werden, während die Interaktion, wie bei der parametrischen Varianzanalyse, nicht gesichert ist.

11. 2 lognormal verteilte abhängige Variable

Hierbei handelt es sich um einen „synthetischen“ Datensatz, d.h. die Daten wurden mittels Zufallszahlen erzeugt. Er enthält eine abhängige Variable y mit Werten im Bereich [-2 , 2] sowie zwei Gruppierungsfaktoren A (4 Stufen) und B (5 Stufen) mit einem n_i=10 und N=200.

		B 1	B 2	B 3	B 4	B 5
Mittelwerte	A 1	0.89	0.90	0.99	1.13	1.07
	A 2	1.07	0.97	1.21	1.07	1.14
	A 3	0.91	0.82	0.87	1.06	1.09
	A 4	1.00	0.97	1.14	1.05	0.94
Standard-abweichungen	A 1	0.44	0.53	0.24	0.36	0.19
	A 2	0.46	0.59	0.33	0.26	0.27
	A 3	0.42	0.49	0.28	0.22	0.29
	A 4	0.36	0.38	0.50	0.22	0.25

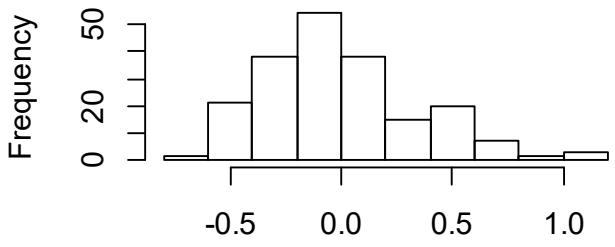
Die Tabelle lässt vermuten, dass die Standardabweichungen für Faktor B ungleich sind:

```
leveneTest(y~B,df)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
       Df F value    Pr(>F)
group   4  5.1568 0.0005705 ***
```

Als nächstes werden die Residuen untersucht:

```
aov.1 <- aov(y~A*B,df)
hist(aov.1$residuals)
```



Das Histogramm widerspricht nicht notwendigerweise einer Normalverteilung, zeigt aber dennoch eine leichte Rechtsschiefe, die wegen der hohen Fallzahl nicht außer Acht gelassen werden sollte. Das bestätigt auch der Shapiro-Test

```
shapiro.test(aov.1$residuals)
```

```
Test Statistic:                 W = 0.9658659
P-value:                        9.013545e-05
```

Die Schiefe, zu berechnen mittels `skewness` aus dem Paket `EnvStats`) beträgt 0.763, der Test auf Schiefe>0 ($S/(6/n)$) ergibt:

$0.763/(6/200) = 24.21$

Dieser Wert ist χ^2-verteilt mit 1 FG und zeigt somit eine deutliche Rechtsschiefe an, was auf eine Lognormalverteilung hindeutet. Die erste Möglichkeit besteht darin, eine Methode für heterogene Varianzen anzuwenden. Bei Vorliegen einer Lognormalverteilung sollten allerdings keine rangbasierten Tests angewandt werden, womit u.a. ATS und BDM ausscheiden. Es bleiben noch die Verfahren von Welch & James sowie von Brown & Forsythe, beide in der eigenen Bibliothek (siehe Anhang) verfügbar:

```
wj.anova(df,'y','A','B', Ftest=T)
```

```
              F   df1      df2  P(F>value)
A     1.1796886     3 72.19293   0.3235286
B     1.1882087     4 76.69976   0.3227698
A : B 0.6010449    12 66.84131   0.8337179
```

```
bf.f(y~A*B,df)
```

```
           Df Df.err  Sum Sq  Mean Sq F value Pr(>F)
A           3 194.42  0.5190 0.173002  1.2859 0.2805
B           4 157.97  0.8109 0.202723  1.5159 0.2001
A:B        12 128.19  0.7644 0.063704  0.4625 0.9330
Residuals 180        24.7946 0.137748
```

Es gibt aber noch eine zweite Möglichkeit: die Daten durch eine log-Transformation in eine Normalverteilung zu wandeln, um dann „wie gewohnt“ weiter zu verfahren:

```
within(df,ly<-log(y)) -> df
leveneTest(ly~A*B,df)
aov.2 <- aov(ly~A*B,df)
shapiro.test(aov.2$residuals)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
       Df F value   Pr(>F)
group  19  2.3283 0.002153 **

Test Name:                      Shapiro-Wilk normality test
Test Statistic:                 W = 0.9931843
P-value:                        0.4847057
```

Durch die log-Transformation ist zwar die Varianzheterogenität erhalten geblieben, aber die Daten können als normalverteilt angenommen werden. Jetzt werden noch einmal die Tests von Welch & James sowie von Brown & Forsythe angewandt, jedoch auf die Variable log(y):

```
wj.anova(df,'ly','A','B')
bf.f(ly~A*B,df)
```

mit den folgenden Ergebnissen:

```
          Chi Sq   df  P(Chi>value)
A       3.268109    3    0.36850000
B      12.187069    4    0.02350765
A : B  8.801682   12    0.78250000

Response: ly
            Df Df.err  Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
A            3 192.60  0.5048 0.16827  1.1013 0.349845
B            4 139.06  2.2536 0.56341  3.8959 0.004966 **
A:B         12 116.88  0.8525 0.07104  0.4764 0.925047
Residuals 180        26.8426 0.14913
```

Auch hier unterscheiden sich beide Ergebnisse nicht. Aber: diese Resultate widersprechen den zuerst gefundenen mit den nicht-transformierten y-Werten. Eine Entscheidung, welchem Ergebnis man nun vertrauen darf, geben Feng et al. (2014). Sie warnen davor, auf rechtsschiefe Daten die log-Transformation anzuwenden und geben ein Beispiel, allerdings mit einer Regressionsanalyse, in dem Effekte durch die Transformation kleinere Standardfehler bekommen und somit signfikant werden.

11. 3 negative pairing

Der Datensatz `mydata12` besteht aus der abhängigen Variablen *x* mit ganzzahligen Werten zwischen 0 und 80 sowie zwei Faktoren A (4 Gruppen) und B (5 Gruppen) und umfasst 200 Fälle.

		B 1	B 2	B 3	B 4	B 5
Zellenbesetzungen	A 1	8	6	14	10	16
	A 2	16	14	4	14	10
	A 3	6	14	10	4	10
	A 4	12	10	4	6	12
Mittelwerte	A 1	32.00	36.17	36.57	34.40	41.06
	A 2	30.81	30.43	36.25	39.36	39.00
	A 3	30.67	35.50	38.60	27.25	36.70
	A 4	29.92	34.40	30.00	47.67	38.08
Standard-abweichungen	A 1	11.69	20.31	11.97	8.83	5.71
	A 2	3.71	9.29	17.73	10.29	12.55
	A 3	14.39	8.12	7.60	15.17	9.12
	A 4	8.72	10.52	16.87	23.04	7.89

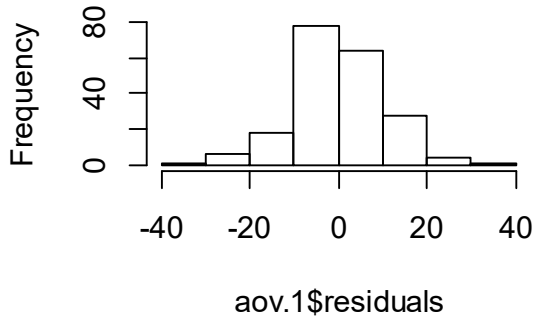
Zunächst einmal wird die parametrische Varianzanalyse durchgeführt, um auch die Residuen auf Normalverteilung überprüfen zu können. Hier muss `drop1` verwendet werden, da der Datensatz ungleiche Zellenbesetzungszahlen aufweist.

```
aov.1 <- aov(x~A*B,mydata12)
drop1(aov.1, ~. , test="F")
```

```
       Df Sum of Sq   RSS    AIC F value  Pr(>F)
<none>              21017 970.95
A       3    133.47 21151 966.22  0.3810 0.76679
B       4   1412.07 22429 975.96  3.0234 0.01915 *
A:B    12   1738.56 22756 962.85  1.2408 0.25835
```

Prüfen der Voraussetzungen:

```
hist(aov.1$residuals)
shapiro.test(aov.1$residuals)

leveneTest(x~A*B,mydata12)
leveneTest(x~A,mydata12)
leveneTest(x~B,mydata12)
```




```
        Shapiro-Wilk normality test

data:  aov.1$residuals
W = 0.99257, p-value = 0.406

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
       Df F value    Pr(>F)
group  19  2.5401 0.0007507 ***

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
       Df F value Pr(>F)
group   3  0.9544 0.4154

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
       Df F value  Pr(>F)
group   4  3.1109 0.01645 *
```

Sowohl das Histogramm wie auch der Shapiro-Test erlauben die Annahme, dass y normalverteilt ist. Die Levene-Tests zeigen, dass eine sehr starke Varianzheterogenität vorhanden ist, insbnesondere für den Test der Interaktion. Dies legt nahe, ein mögliches pairing zu überprüfen. Dazu wird die Korrelation zwischen n_i und s_i^2 errechnet:

```
ni <- as.vector(with(mydata12,table(A,B)))
si <- as.vector(with(mydata12,tapply(x,list(A,B),sd)))
cor(ni,si^2)
```

Der Wert r=-0.75 bestätigt ein negatives pairing, was die Durchführung der normalen Varianzanalyse nicht ratsam macht. Statt dessen sollte eine Methode benutzt werden, die robust gegen heterogene Varianzen ist. Dazu zählen die Tests von Welch & James sowie von Brown & For-

sythe, wobei letzterer als leicht liberal gilt. Das ATS-Verfahren ist zwar auch bei negativem pairing anwendbar, gilt allerdings als extrem konservativ.Dazu alle drei Verfahren im Vergleich, sie alle in der eigenen Bibliothek (siehe Anhang) verfügbar sind:

```
wj.anova(mydata12,'x','A','B')
```

```
          Chi Sq   df  P(Chi>value)
A      0.7351891    3    0.87550000
B     11.7029784    4    0.05150485
A : B 10.2629290   12    0.74150000
```

```
bf.f(x~A*B,mydata12)
```

```
           Df  Df.err  Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
A           3 175.018   147.0   49.00  0.3850 0.763907
B           4 148.315  1781.3  445.34  3.5931 0.007929 **
A:B        12  35.649  1738.6  144.88  0.9478 0.513226
Residuals 180         21017.1  116.76
```

```
ats.2(x~A*B,mydata12)
```

```
                 Df   F value    Pr(>F)
A          2.914354 0.1708253 0.9111070
B          3.559425 2.1158563 0.1032501
A*B        7.981024 0.8242638 0.5858894
Residuals 40.747127
```

Die 3 Ergebnisse geben exakt den Trend dieser Verfahren wider: die leicht liberale Methode BF, das konservative ATS und das ausgewogene WJ. Wem soll man nun trauen? In diesem Fall ist es der Test des Haupteffekts B, für den die Resultate nicht einheitlich sind. Somit können hier die „besten“ Methoden von James sowie von Alexander & Govern die Entscheidung treffen, die leider beide nur als 1-faktorielle Varianzanalyse bekannt sind:

```
library(onewaytests)
james.test(x~B,mydata12)
ag.test(x~B,mydata12)
```

```
  James Second Order Test
------------------------------------------------------------
  statistic     : 22.72145
  criticalValue : 10.10662
  Result        : Difference is statistically significant.

  Alexander-Govern Test
------------------------------------------------------------
  statistic  : 20.34211
  parameter  : 4
  p.value    : 0.0004274263
  Result     : Difference is statistically significant.
```

Somit ist Faktor B als signifikant nachgewiesen, während Faktor A und die Interaktion keinen Einfluss haben.

11. 4 Gemischter Versuchsplan mit Varianzheterogenitäten

Der Datensatz `mydata11` besteht aus der abhängigen Variablen *x* zu 4 Zeitpunkten (Variablen V1, V2, V3, V4) mit einem ganzzahligen Wertebereich zwischen 10 und 80 sowie einem Gruppierungsfaktor A (4 Gruppen) und einer Fallidentifikation Id und umfasst 60 Fälle:

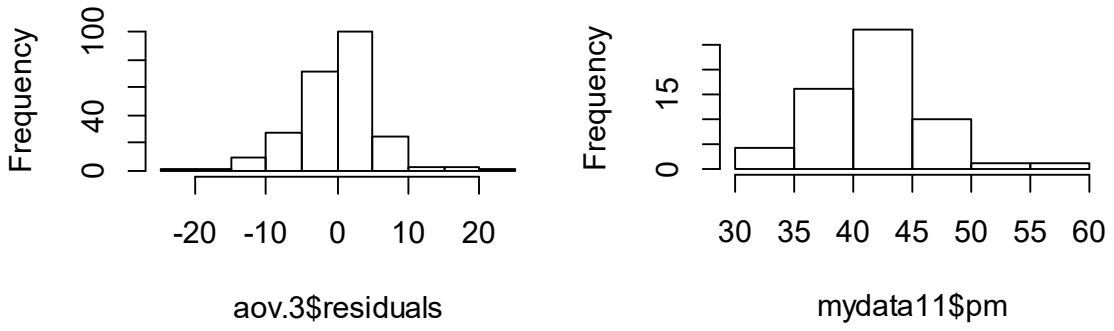
			Zeitpunkt			
		n	1	2	3	4
Mittelwerte	A 1	10	38.50	41.50	46.50	44.5
	A 2	10	36.50	46.00	43.00	36.5
	A 3	20	39.50	40.25	40.25	42.5
	A 4	20	40.25	39.00	41.00	43.0
Standard-abweichungen	A 1	10	4.74	14.62	9.56	14.54
	A 2	10	7.09	8.82	6.58	15.10
	A 3	20	4.84	7.48	5.45	6.05
	A 4	20	3.43	3.77	3.48	6.07

Zunächst einmal muss der Datensatz in das für Messwiederholungsanalysen erforderliche „long“-Format transformiert werden:

```
reshape(mydata11,direction="long",timevar="Zeit",v.names="x",
        varying=1:4,idvar="Id") -> mydata11t
within(mydata11t,Zeit <- factor(Zeit))->mydata11t
```

Zunächst wird eine parametrische Varianzanalyse ohne Messwiederholungen durchgeführt, um die Residuen auf Normalverteilung überprüfen zu können.

```
aov.3<-aov(x~A*Zeit+Id,mydata11t)
hist(aov.3$residuals)
shapiro.test(aov.3$residuals)
```




```
        Shapiro-Wilk normality test

W = 0.97197, p-value = 0.0001113
```

Das Histogramm (oben links) zeigt eine leichte Linksschiefe, und der Shapiro-Test indiziert eine Abweichung von der Normalverteilung. Die Schiefe, zu berechnen mittels `skewness` aus dem Paket `EnvStats`) beträgt -0.136, der Test auf Schiefe>0 ($S/(6/n)$) ergibt:

0.136/(6/200) = -1.36

Dieser Wert ist χ^2-verteilt mit 1 FG und deutet auf keine nennenswerte Schiefe hin. Wegen des relativ großen *n* von 60 (hier sogar 240 durch die Messwiederholungen) kann allerdings die Abweichung von der Normalverteilung vernachlässigt werden.

Als nächstes müssen noch die Personeneffekte π_i auf Normalverteilung überprüft werden:

```
within(mydata11,pm<-(V1+V2+V3+V4)/4) -> mydata11
shapiro.test(mydata11$pm)
hist(mydata11$pm)
```

```
Test Name:                          Shapiro-Wilk normality test

Test Statistic:                     W = 0.9288996
P-value:                            0.001784088
```

Auch hier zeigen Histogramm (oben rechts) wie auch der Shapiro-Test eine Abweichung von der Normalverteilung. Als nächstes die Überprüfung der Varianzhomogenitäten: zuerst die Überprüfung der Spherizität mittels des Mauchly-Test in der Funktion `ezANOVA` (Paket `ez`):

```
ezANOVA(mydata11t,x,Id,between=.(A),within=.(Zeit))
```

```
  Effect DFn DFd        F          p p<.05        ges
2      A   3  56 0.567528 0.63870443       0.01145754
3   Zeit   3 168 2.437313 0.06642195       0.02622517
4 A:Zeit   9 168 2.344058 0.01625495     * 0.07210060

$`Mauchly's Test for Sphericity`
  Effect         W            p p<.05
3   Zeit 0.6153137 6.927358e-05     *
4 A:Zeit 0.6153137 6.927358e-05     *

$`Sphericity Corrections`
  Effect       GGe      p[GG] p[GG]<.05       HFe      p[HF] p[HF]<.05
3   Zeit 0.7493929 0.08490472           0.7822755 0.08221934
4 A:Zeit 0.7493929 0.02946172         * 0.7822755 0.02722404         *
```

Der Mauchly-Test (in der Mitte) zeigt eine deutliche Abweichung von der Annahme gleicher Varianzen der Messwiederholungsvariablen und gleicher Korrelationen an. Als nächstes die Überprüfung der Gleichheit der Varianzen der 4 Messwiederholungsvariablen für die 4 Gruppen von Faktor A sowie des Personeneffekts π_i . Hierzu ist der nichttransformierte Datensatz zu verwenden:

```
leveneTest(V1~A,mydata11)
leveneTest(V2~A,mydata11)
leveneTest(V3~A,mydata11)
leveneTest(V4~A,mydata11)
leveneTest(pm~A,mydata11)
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  3  1.1629 0.3321

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group  3  1.8395 0.1505

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value  Pr(>F)
group  3  2.8034 0.04803 *

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value   Pr(>F)
group  3  5.1022 0.003424 **

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value  Pr(>F)
group  3  3.7228 0.01639 *
```

woraus zu entnehmen ist, dass zumindest für die Variablen V3 und V4 sowie für den Personeneffekt keine Varianzhomogenität gegeben ist. Wegen der ungleichen Zellenbesetzungszahlen muss daher auch ein pairing überprüft werden:

```
si <- with(mydata11,tapply(pm,A,sd))
ni <- with(mydata11,table(A))
cor(ni,si^2)
```

Der Wert r=-0.86 bestätigt ein negatives pairing, was die Durchführung der normalen Varianzanalyse weder zum Test des Faktors A noch zum Test der Interaktion ratsam macht. Lediglich der Messwiederholungsfaktor Zeit kann über o.a. Varianzanalyse geprüft werden, und zwar wegen der Verletzung der Sphärizität im unteren Abschnitt (`` `Sphericity Corrections` ``), in dem hinteren Teil der Zeile „`Zeit`“: Dort findet man den p-Wert `0.0822`. Sinnvoller erscheint es, von vorneherein eine Methode zu verwenden, die robust gegen Varianzinhomogenitäten ist. In R gibt es dazu das Verfahren von Welch & James mit der Funktion `wj.spanova`, die in der eigenen Bibliothek (siehe Anhang) verfügbar ist. Allerdings werden darin nur die Messwiederholungseffekte getestet. Der Gruppeneffekt A muss separat mit der korrespondierenden Funktion `wj.anova` getestet werden:

```
wj.spanova(mydata11t,'x','A','Zeit','Id')
wj.anova(mydata11t,'pm','A')
```

```
        F value df num df denom    p value
Zeit   4.857511      3 19.24192 0.01113892
A:Zeit 1.351924      9 23.58293 0.26440049

    Chi Sq   df  P(Chi>value)
A 3.017588    3        0.4035
```

Das Ergebnis: Lediglich der Faktor Zeit ist signifikant. Damit weicht dieses Ergebnis doch erheblich von dem oben mit `ezANOVA` erstellten ab und ist auf die nicht erfüllten Voraussetzungen zurückzuführen. Das Verfahren von Koch (Funktion `koch.anova`) verlangt weder Normalverteilungfordert noch Sphärizität, aber die Robustheit bei negativem pairing ist nicht gewährleistet.

A. Anhang

1. Umstrukturieren von Messwiederholungen in SPSS

Dieses ist z.B. erforderlich zur Rangbildung von Messwiederholungen.

1. 1 Umstrukturieren von Messwiederholungen in Fälle

Vorzunehmen im Menü: „Daten -> Umstrukturieren“

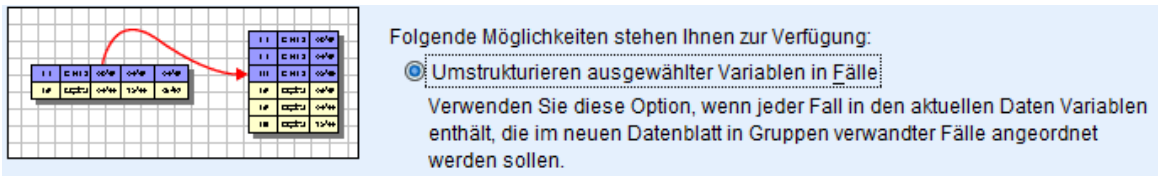
1. 1. 1 ein Faktor und eine Analyse-Variable

Als Beispiel dient der Datensatz 4 (vgl. Kapitel 5)

	Geschlecht	t1	t2	t3
1	1	4	7	2
2	1	3	5	1
3	1	7	9	6
4	1	6	6	2
5	1	5	5	1
6	2	8	2	5
7	2	4	1	1
8	2	6	3	4
9	2	9	5	2
10	2	7	1	1

- **Datenumstrukturierung**

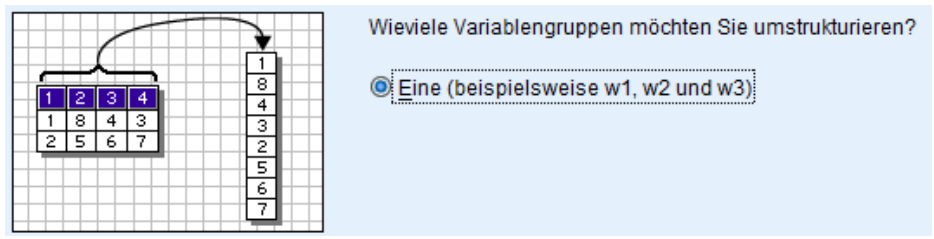
  1. Option:
  Umstrukturieren ausgewählter Variablen in Fälle



  -> Weiter

- **Anzahl der Variablengruppen**

  1. Option:
  Eine (Variablengruppe)



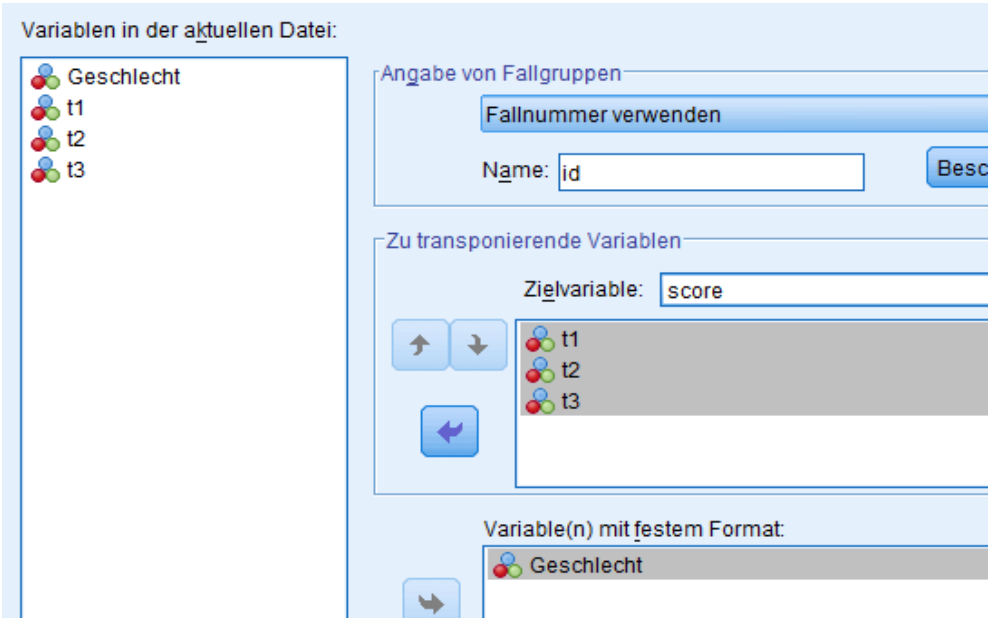
  -> Weiter

- **Auswählen von Variablen**

  a. Fallnummer verwenden,
  - kann eine vorhandene Fallkennung sein, z.B. Vpn
  - ist aber frei wählbar
  - erhält standardmäßig den Namen id

  b. zu transponierende Variablen:
  hier die Messwiederholungsvariablen eintragen
  und einen gemeinsamen Namen geben, hier: „score“

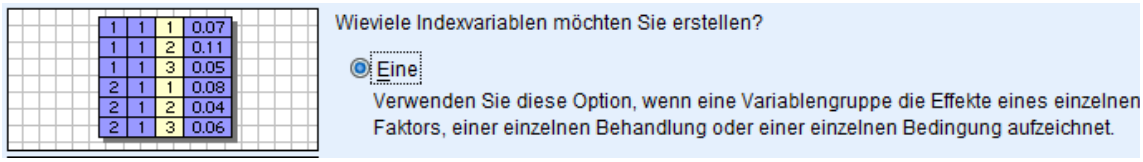
  c. Variablen mit festem Format:
  hier die "konstanten" Variablen (ohne Messwiederholung) eintragen
  (z.B. Alter, Geschlecht etc)



-> Weiter

- **Wieviel Indexvariablen möchten Sie erstellen?**

  1. Option:
  Eine (Indexvariablen)

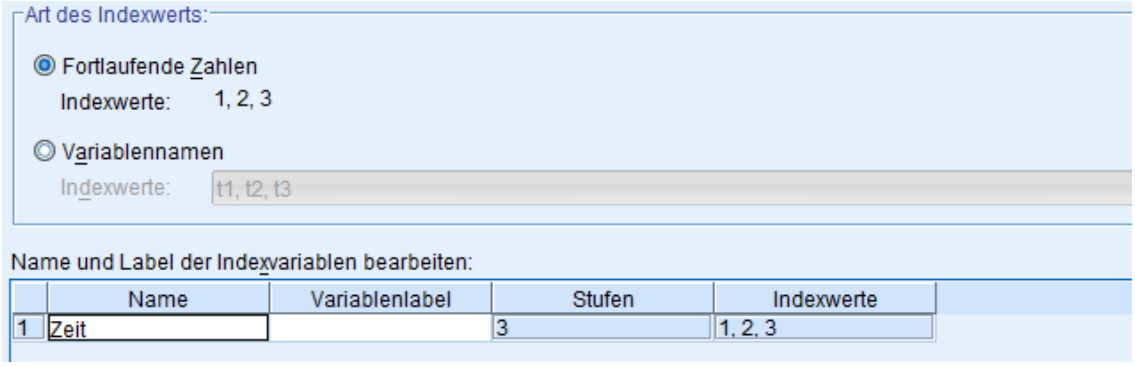


-> Weiter

- **Erstellen einer Indexvariablen**
  (Diese kann numerisch oder alphanumerisch sein.)

  a. Art des Indexwertes:
  fortlaufende Zahlen

b. Name und Label der Indexvariablen:
kann frei gewählt werden (standardmäßig: Index1), hier: „Zeit“

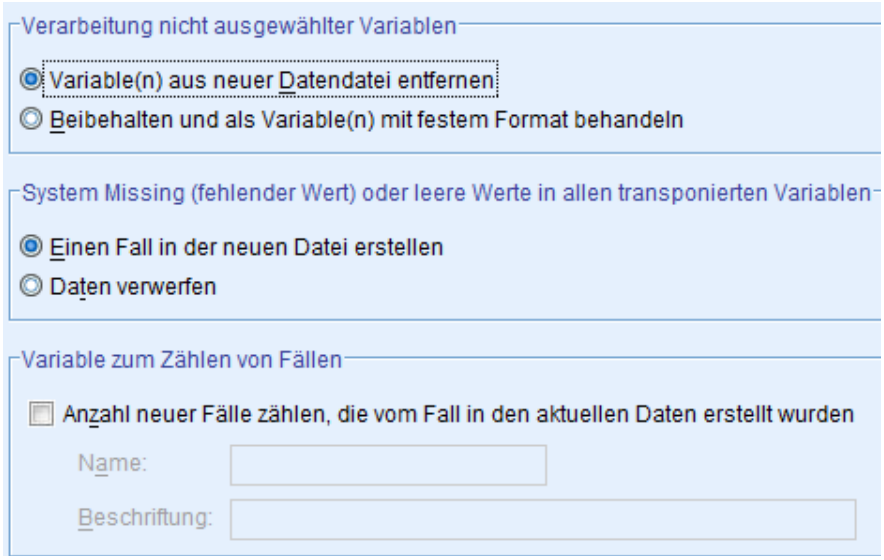


-> Weiter (es folgen dann noch Optionen) oder Fertigstellen

- **Optionen**

a. Verarbeitung nicht ausgewählter Variablen (die oben weder als zu transponierende noch als "konstante" deklariert worden waren):
(normalerweise) beibehalten und als Variablen mit festem Format behandeln

b. System Missing: Einen Fall in der neuen Datei erstellen



-> Weiter

Die hier aufgeführten Schritte können auch über die SPSS-Syntax realisiert werden:

```
Varstocases
  /Id=id
  /Make score from t1 t2 t3
  /index=Zeit(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.
```

Das Ergebnis der Umstrukturierung:

	id	Geschlecht	Zeit	score
1	1	1	1	4
2	1	1	2	7
3	1	1	3	2
4	2	1	1	3
5	2	1	2	5
6	2	1	3	1
7	3	1	1	7
8	3	1	2	9
9	3	1	3	6
10	4	1	1	6
11	4	1	2	6
12	4	1	3	2

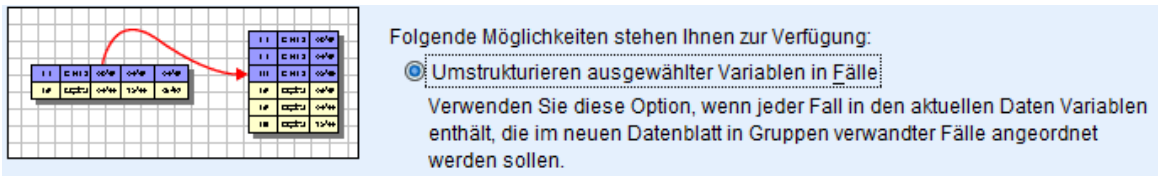
1. 1. 2 mehrere Faktoren und eine Analyse-Variablen

Als Beispiel dient der Datensatz 5 (vgl. Kapitel 5)

	Geschlecht	v1	v2	v3	v4	v5	v6	v7	v8	v9
1	1	3	3	1	4	4	2	5	4	3
2	1	2	0	0	3	2	2	4	3	3
3	1	5	4	3	5	3	3	6	3	4
4	1	3	5	2	4	4	3	4	4	4
5	2	2	2	1	2	2	2	5	2	3
6	2	4	1	0	3	2	1	5	2	2
7	2	3	2	1	3	2	1	4	3	2
8	2	1	3	0	5	2	1	6	3	3

- **Datenumstrukturierung**

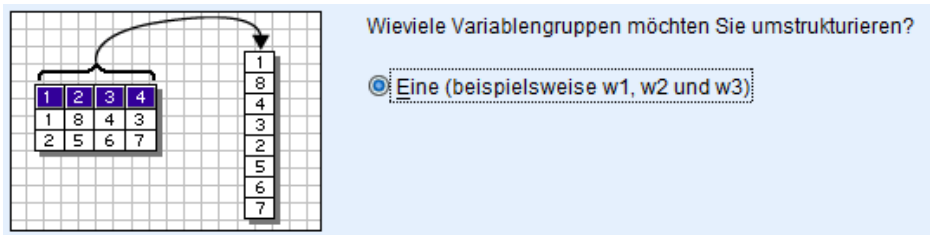
  1. Option:
  Umstrukturieren ausgewählter Variablen in Fälle



  -> Weiter

- **Anzahl der Variablengruppen**

  1. Option: Eine (Variablengruppe)



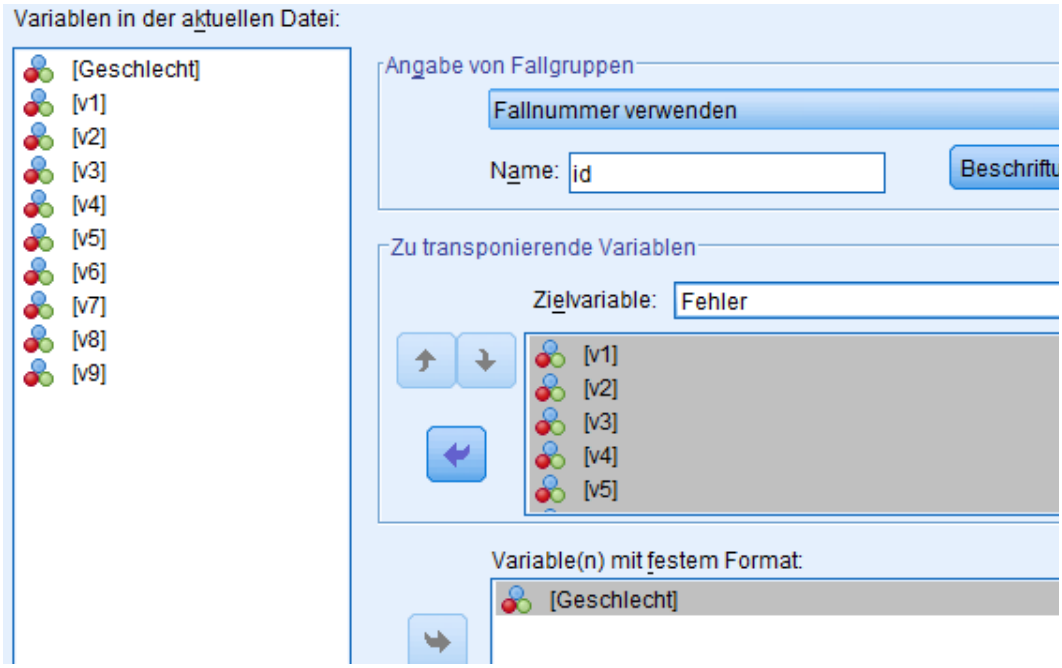
  -> Weiter

- **Auswählen von Variablen**

  a. Fallnummer verwenden,
  - kann eine vorhandene Fallkennung sein, z.B. Vpn
  - ist aber frei wählbar
  - erhält standardmäßig den Namen id

  b. zu transponierende Variablen:
  hier die Messwiederholungsvariablen eintragen
  und einen gemeinsamen Namen geben, hier: „Fehler“

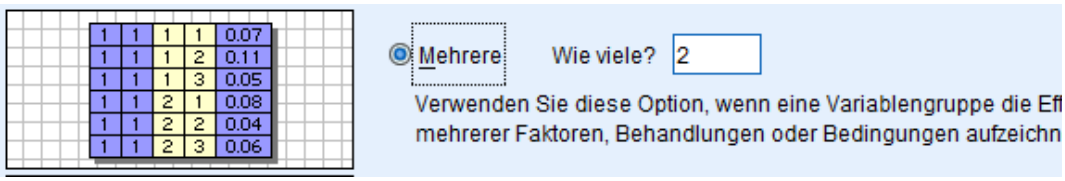
  c. Variablen mit festem Format:
  hier die "konstanten" Variablen (ohne Messwiederholung) eintragen
  (z.B. Alter, Geschlecht etc)



  -> Weiter

- **Wieviel Indexvariablen möchten Sie erstellen?**

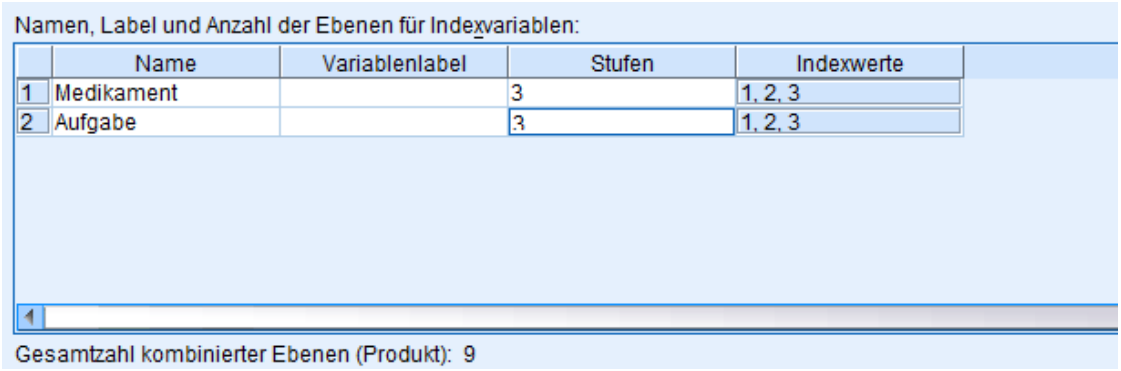
  2. Option:
  Mehrere (Indexvariablen) und Anzahl der Messwiederholungsfaktoren festlegen



-> Weiter

- **Erstellen mehrerer Indexvariablen**)

  In der folgenden Tabelle müssen für jeden Messwiederholungsfaktor Name und wahlweise Label frei gewählt (standardmäßig: Index1, Index2) sowie für jede die Anzahl der Stufen festleget werden, hier „Medikament“ und „Aufgabe“. Hierbei ist die Reihenfolge zu beachten: in der Variablenreihenfolge variiert der erste Faktor am langsamsten, der letzte am schnellsten. Und das Produkt der Stufen muss die Anzahl der Messwiederholungsvariablen ergeben:

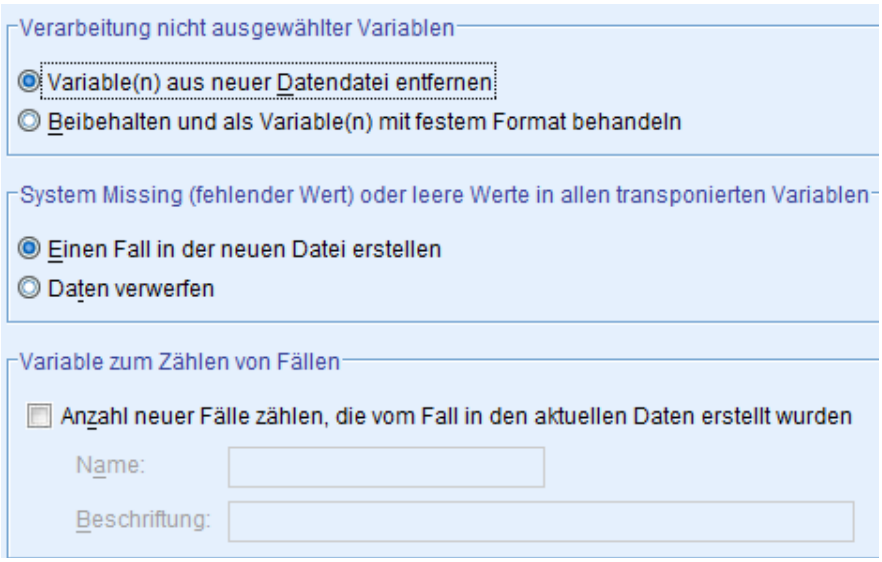


-> Weiter

- Optionen

  a. Verarbeitung nicht ausgewählter Variablen (die oben weder als zu transponierende noch als "konstante" deklariert worden waren): (normalerweise) beibehalten und als Variablen mit festem Format behandeln

b. System Missing: Einen Fall in der neuen Datei erstellen



-> Weiter

-> Fertigstellen

Wenn keine Namen festegelgt worden waren, hat die Analyse-Variablen anschließend die Namen `trans1` und `Index1, Index2`,... sind standardmäßig die Kennzeichnungen der Messwiederholung für die jeweiligen Faktoren.

Die hier aufgeführten Schritte können auch über die SPSS-Syntax realisiert werden:

```
Varstocases
  /Id=id
  /make Fehler from v1 v2 v3 v4 v5 v6 v7 v8 v9
  /index=Medikament(3) Aufgabe(3)
  /keep=Geschlecht
  /null=keep.
```

Das Ergebnis der Umstrukturierung:

	id	Geschlecht	Medikament	Aufgabe	Fehler
1	1	1	1	1	3
2	1	1	1	2	3
3	1	1	1	3	1
4	1	1	2	1	4
5	1	1	2	2	4
6	1	1	2	3	2
7	1	1	3	1	5
8	1	1	3	2	4
9	1	1	3	3	3
10	2	1	1	1	2
11	2	1	1	2	0
12	2	1	1	3	0

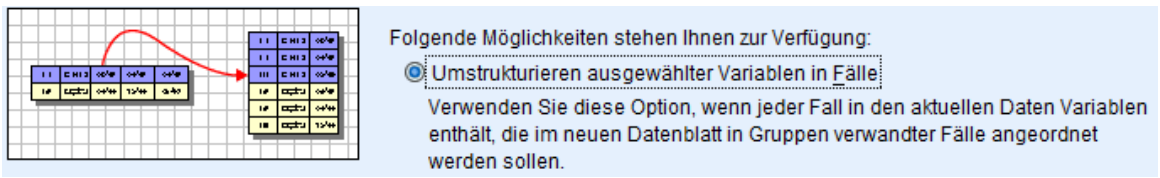
1. 1. 3 ein Faktor und mehrere Analyse-Variablen

Als Beispiel dient der Datensatz 4 (vgl. Kapitel 5), wobei die 3 Aufgaben nicht als Faktor, sondern als 3 Variablen interpretiert werden und lediglich ein Faktor Medikament vorhanden ist.

- **Datenumstrukturierung**

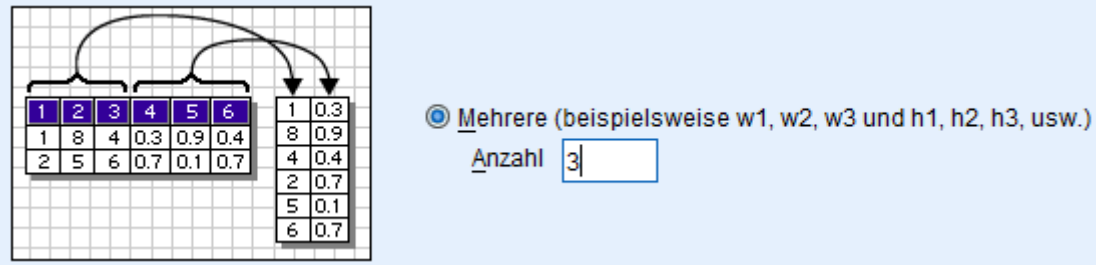
  1. Option: Umstrukturieren ausgewählter Variablen in Fälle

  -> Weiter



- **Anzahl der Variablengruppen**

  2. Option:
  Mehrere (Variablengruppen) sowie Anzahl der Analyse-Variablen festlegen (hier 3)



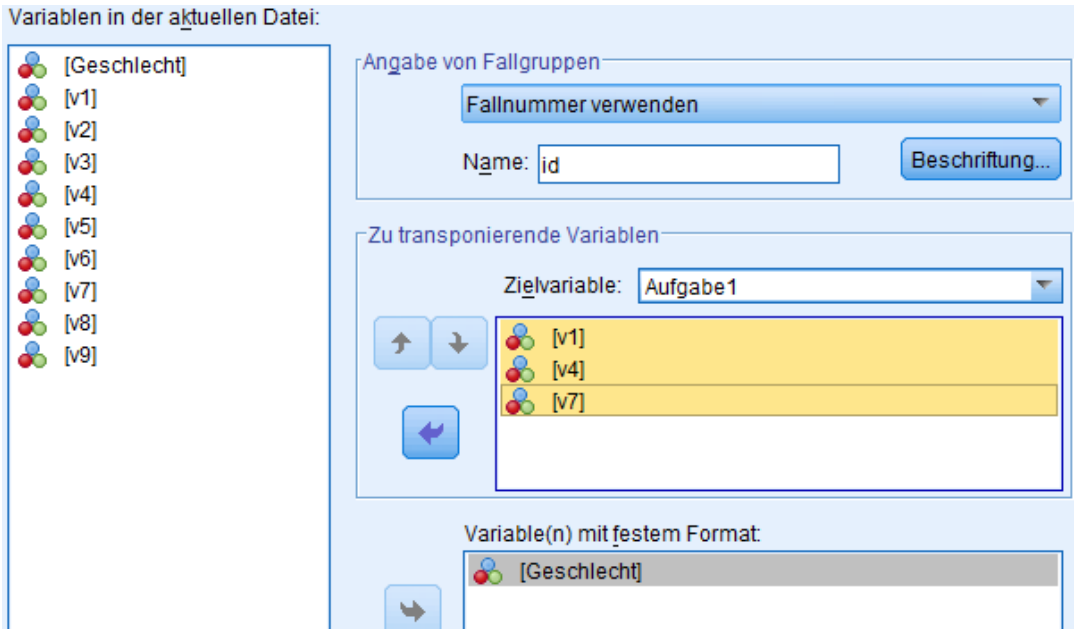
-> Weiter

- **Auswählen von Variablen**

  a. Fallnummer verwenden,
  - kann eine vorhandene Fallkennung sein, z.B. Vpn
  - ist aber frei wählbar
  - erhält standardmäßig den Namen id

  b. zu transponierende Variablen:
  hier die Messwiederholungsvariablen für die 1. abhängige Variable eintragen
  und bei „Zielvariable“ einen gemeinsamen Namen geben, hier: „`Aufgabe1`“
  diesen Schritt dann für die anderen abhängigen Variablen wiederholen,
  indem im Pulldown-Menü rechts neben der Zielvariablen nacheinander die
  nächsten Variablen ausgewählt weren, deren Voreinstellung `trans1, trans2,` ... ist.

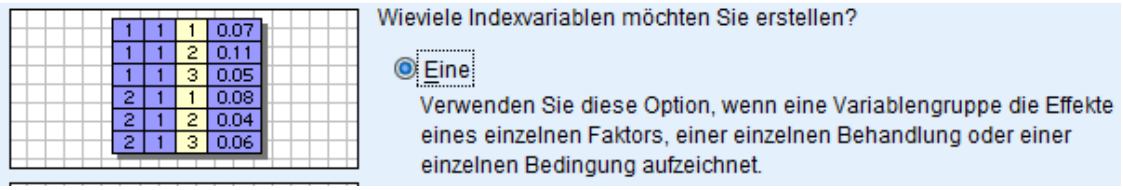
  c. Variablen mit festem Format:
  hier die "konstanten" Variablen (ohne Messwiederholung) eintragen
  (z.B. Alter, Geschlecht etc)



-> Weiter

- **Erstellen von Indexvariablen**)

  1. Option:
  Eine (Indexvariablen)



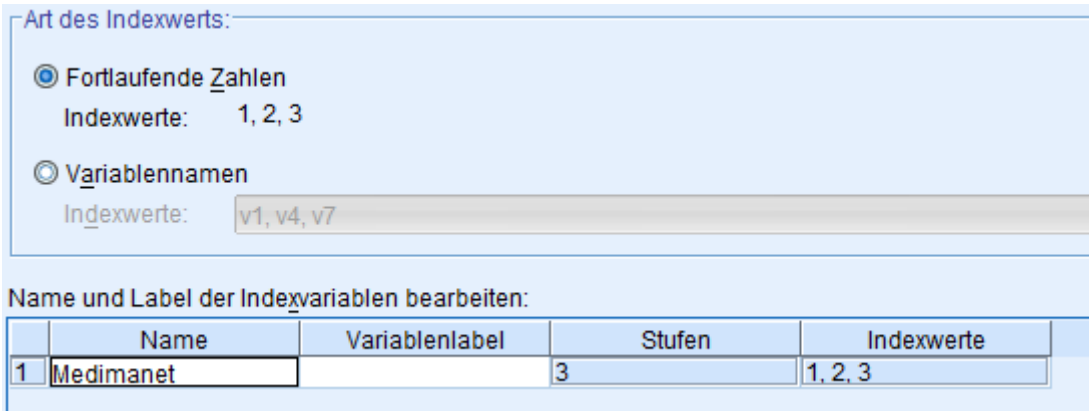
Liegt ein mehrfaktorielles Design wir, wie etwa im vorigen Abschnitt, so können bei der 2. Option die Anzahl der Messwiederholungsfaktoren festgelegt werden.

-> Weiter

- **Erstellen einer Indexvariablen**
  (Diese kann numerisch oder alphanumerisch sein.)

  a. Art des Indexwertes:
  fortlaufende Zahlen

  b. Name und Label der Indexvariablen:
  kann frei gewählt werden (standardmäßig: Index1), hier: „Medikament“. Die Stufenzahl ergibt sich aus den anderen Angaben.

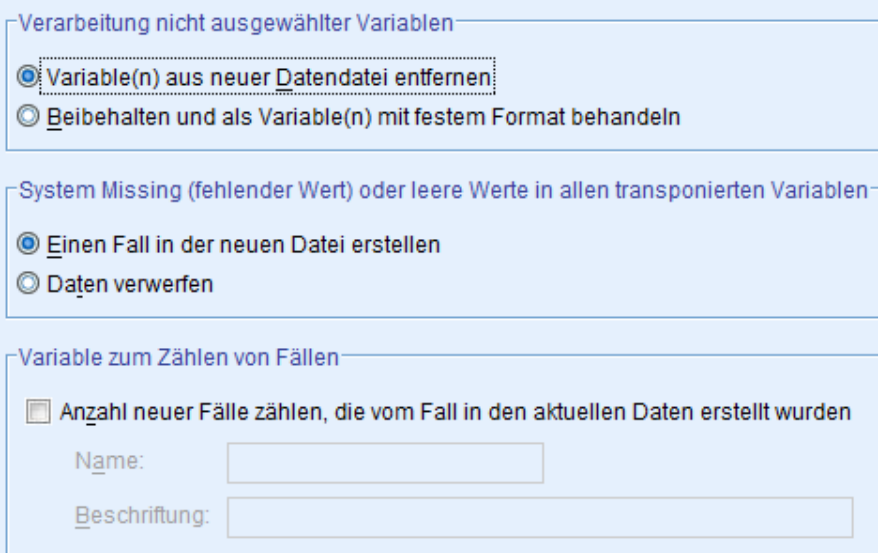


-> Weiter

- **Optionen**

  a. Verarbeitung nicht ausgewählter Variablen (die oben weder als zu transponierende noch als "konstante" deklariert worden waren):
  (normalerweise) beibehalten und als Variablen mit festem Format behandeln

  b. System Missing: Einen Fall in der neuen Datei erstellen



Falls keine Namen vereinbart worden waren, haben die Analyse-Variablen anschließend die Namen `trans1, trans2,...` und `Index1` ist standardmäßig der Kennzeichnung der Messwiederholung.

Die hier aufgeführten Schritte können auch über die SPSS-Syntax realisiert werden:

```
Varstocases
  /Id=id
  /make Aufgabe1 from v1 v4 v7
  /make Aufgabe2 from v2 v5 v8
  /make Aufgabe3 from v3 v6 v9
  /Index=Medikament(3)
  /Keep=Geschlecht
  /Null=keep.
```

Das Ergebnis der Umstrukturierung:

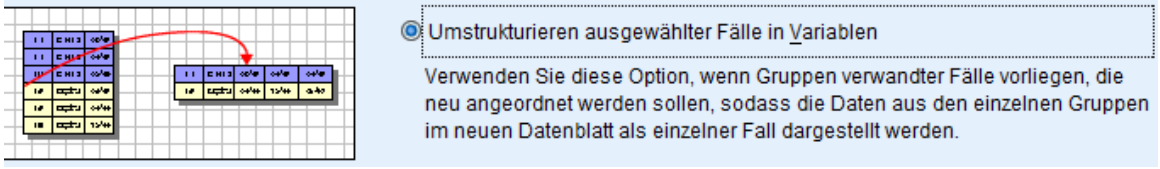
	id	Geschlecht	Medikament	Aufgabe1	Aufgabe2	Aufgabe3
1	1	1	1	3	3	1
2	1	1	2	4	4	2
3	1	1	3	5	4	3
4	2	1	1	2	0	0
5	2	1	2	3	2	2
6	2	1	3	4	3	3
7	3	1	1	5	4	3
8	3	1	2	5	3	3
9	3	1	3	6	3	4
10	4	1	1	3	5	2
11	4	1	2	4	4	3
12	4	1	3	4	4	4

1. 2 Umstrukturieren von Fälle in Messwiederholungen

Vorzunehmen im Menü: „Daten -> Umstrukturieren“

- **Datenumstrukturierung**

  2. Option: Umstrukturieren ausgewählter Variablen in Fälle

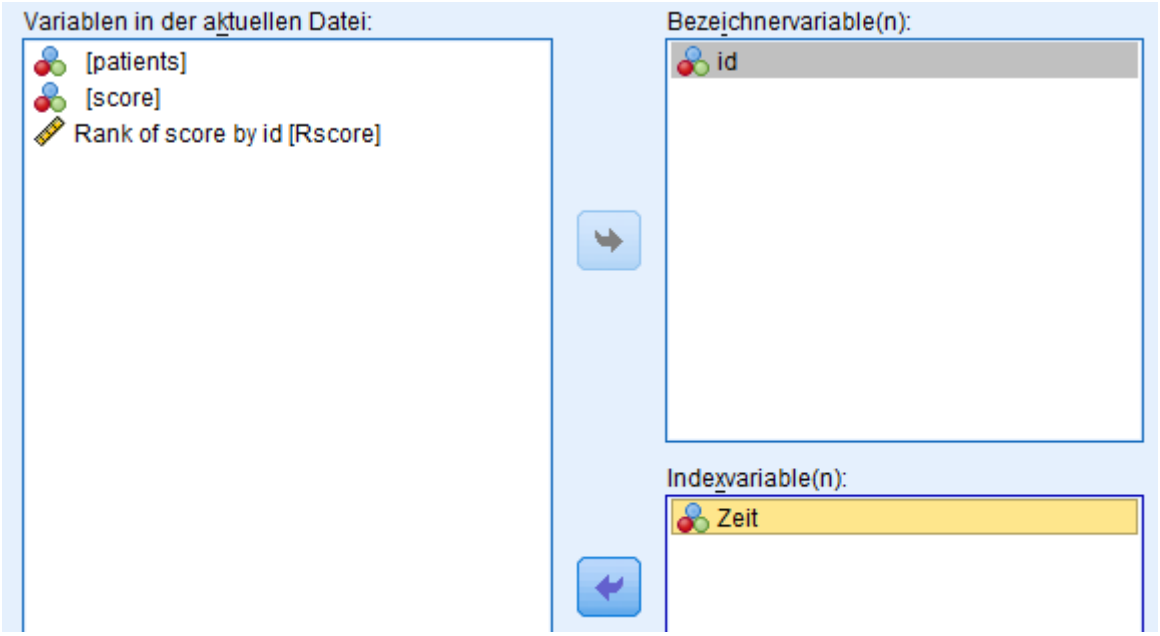


  -> Weiter

- **Auswählen von Variablen**

  a. Bezeichnervariablen:
  Fallkennzeichnung/nummer (z.B. id oder Vpn)

  b. Indexvariable:
  Kennzeichnungen der Messwiederholung, hier „Zeit“
  (z.B. 1-faktoriell: Index1 bzw. mehrfaktoriell Index1, Index2,...)



  Alle übrigen Variablen werden automatisch „sinnvoll“ als konstante oder Messwiederholungsvariable zugeordnet.

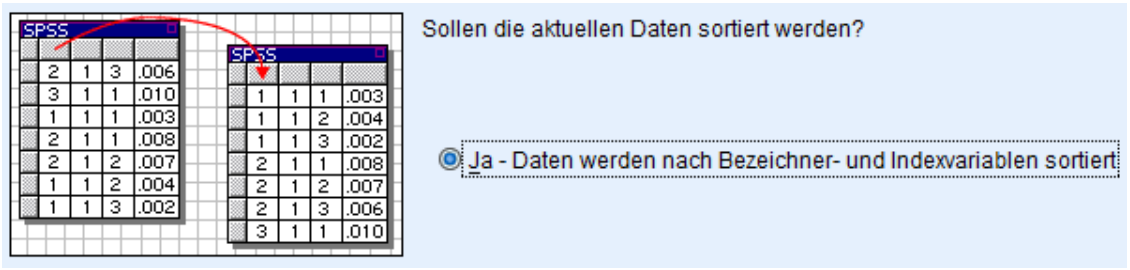
  -> Weiter

- **Sortieren von Daten**

  2. Option:
  Nein - Daten wie gegenwärtig sortiert verwenden

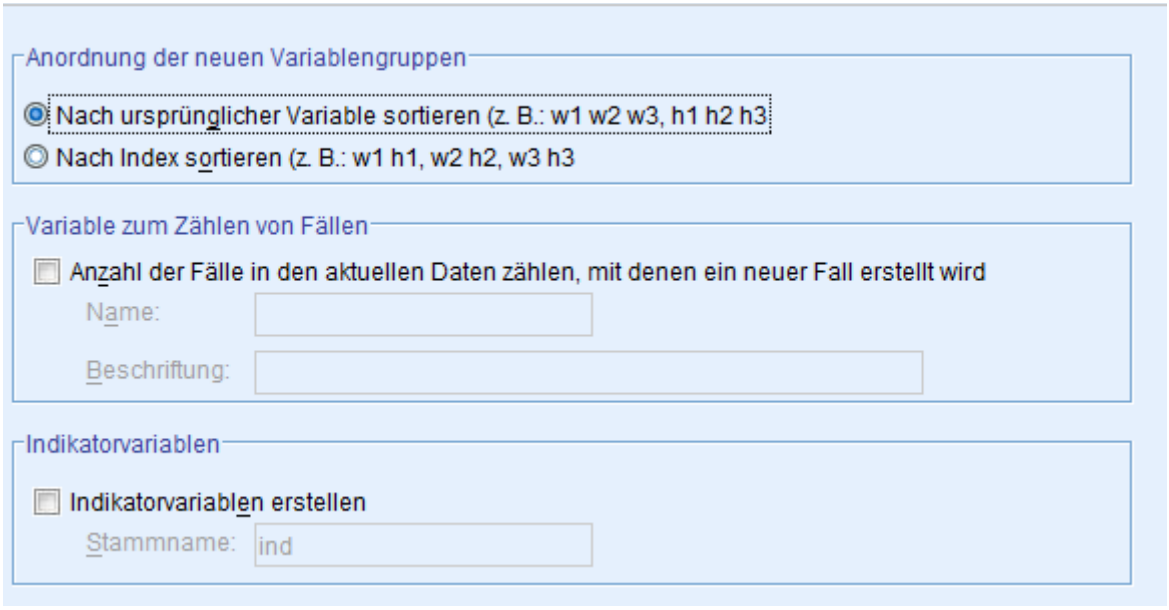
  (Bei 1. Option werden zuerst alle Wiederholungen einer Analyse-Variablen hintereinander ausgegeben, vor denen der nächsten Analysevariablen,
  bei 2. Option werden zuerst die ersten Werte aller Analyse-Variablen hintereinander aus-

gegeben, vor allen Werten der zweiten Messwiederholung etc)



-> Weiter

- **Optionen**



Die Optionen sind i.a. nicht erforderlich.

-> Weiter

-> Fertigstellen

Die neuen Namen der Messwiederlungen der einzelnen Analyse-Variablen sind `Name.1, Name2, ..` (wenn ein Name vorgegeben wurde) andernfalls `trans.1, trans.2, ...` Bei mehrfaktoriellen Designs haben diese jeweils den Zusatz der Kennzeichnung der Messwiederholung z.B. .1.1 , .1.2 ,..., 2.1 , 2.2, ...

Die hier aufgeführten Schritte können auch über die SPSS-Syntax realisiert werden:

```
Sort cases by id Zeit.
casestovars
  /Id=id
  /index=Zeit
  /groupby=variable.
```

Und das Ergebnis der Umstrukturierung:

	id	patients	score.1	score.2	score.3	Rscore.1	Rscore.2	Rscore.3
1	1	1	4	7	2	2,000	3,000	1,000
2	2	1	3	5	1	2,000	3,000	1,000
3	3	1	7	9	6	2,000	3,000	1,000
4	4	1	6	6	2	2,500	2,500	1,000
5	5	1	5	5	1	2,500	2,500	1,000
6	6	2	8	2	5	3,000	1,000	2,000
7	7	2	4	1	1	3,000	1,500	1,500
8	8	2	6	3	4	3,000	1,000	2,000
9	9	2	9	5	2	3,000	2,000	1,000
10	10	2	7	1	1	3,000	1,500	1,500

2. Spezielle robuste F-Tests und andere Statistiken

Im Folgenden werden drei robuste F-Tests vorgestellt, deren Formeln in der Literatur nicht weit verbreitet sind und daher hier zitiert werden.

2. 1 Box-Korrektur für heterogene Varianzen

Es liegen *k* Gruppen (Haupteffekt oder Interaktion) mit Varianzen s_i^2 vor. Der F-Test

$$F = \frac{MS_{Effekt}}{MS_{Fehler}}$$

kann bzgl. der Heterogenität der Varianzen korrigiert werden, indem die Zähler- und Nennerfreiheitsgrade adjustiert (genauer: reduziert) werden. Die Zählerfreiheitsgrade *df1* werden dabei mit ε_1 multipliziert, die Nennerfreiheitsgarde *df2* mit ε_2. Diese Korrekturfaktoren errechnen sich wie folgt:

$$\bar{s}^2 = (\sum s_i^2)/k$$

$$c^2 = \left(\sum (s_i^2 - \bar{s}^2)^2\right)/(k \cdot \bar{s}^4)$$

$$\varepsilon_1 = \left(1 + \frac{k-2}{k-1}c^2\right)^{-1} \qquad \varepsilon_2 = (1 + c^2)^{-1}$$

Hierbei lassen sich $\bar{s}^2$ als durchschnittliche Varianz und c^2 als Streuung der Varianzen interpretieren. Es ist leicht zu erkennen, dass im Falle gleicher Varianzen $c^2=0$ wird und damit ε_1 und ε_2 den Wert 1 bekommen.

2. 2 Brown-Forsythe F-Test für inhomogene Varianzen

1-faktorielle Analyse:
Es liegen *k* Gruppen mit Varianzen s_i^2, Zellenbesetzungen n_i vor. Brown & Forsythe bilden den folgenden Quotienten, der annähernd F-verteilt ist:

$$F = \frac{SS_{Effekt}}{SS_{Fehler}}$$

Hierbei errechnet sich SS_{Error} (mit $n = \sum n_i$)

$$SS_{Error} = \sum\left(1 - \frac{n_i}{n}\right)s_i^2$$

Die Nennerfreiheitsgrade des F-Tests berechnen sich

$$df = \left(\sum \frac{m_i^2}{n_i - 1}\right)^{-1} \qquad m_i = \left(1 - \frac{n_i}{n}\right)s_i^2/(SS_{Error})$$

2-faktorielle Analyse:
Der Test der Interaktion erfolgt (relativ aufwändig) mittels Kontrasten. Einzelheiten hierzu sind der Veröffentlichung von Brown & Forsythe (1974) zu entnehmen

2. 3 Box-Andersen F-Test für nichtnormalverteilte Variablen

Bei diesem modifizierten F-Test werden dessen Zähler- und Nennerfreitsgrade mit dem Parameter *d* multipliziert. Dieser errechnet sich im Wesentlichen aus der Varianz und dem Exzess der Variablen x. Die folgende Berechnung des Korrekturparameters *d* ist gültig für annähernd gleiche n_i . Sei daher *n* die Anzahl der Beobachtungen pro Gruppe. Es sei erwähnt, dass es auch eine etwas kompliziertere Formel für stark differierende n_i gibt.

$$S_2 = \sum_i^k \sum_i^n (x_{ij} - \bar{x})^2 \qquad S_4 = \sum_i^k \sum_i^n (x_{ij} - \bar{x})^4$$

Daraus werden zwei Zwischengrößen berechnet:

$$k_2 = S_2 / (n-1)$$

$$k_4 = [n(n+1)S_4 - 3(n-1)S_2^2] / [(n-1)(n-2)(n-3)]$$

Schließlich errechnet sich hieraus *d* als

$$d = 1 + \frac{1}{n} \frac{k_4}{k_2^2}$$

2. 4 Box-Cox-Transformationen

Hier geht es darum, einen passenden Parameter *a* zu finden, so dass die Funktion, angewandt auf die abhängige Variable, varianzstabilisierend wirkt.

$$f(x) = \frac{x^a - 1}{a}$$

Für den Parameter *a* gilt:

- 0 < a < 1 rechtsschiefe Verteilungen symmetrisch machen
- 1 < a linksschiefe Verteilungen symmetrisch machen

Schließlich gilt, dass f(x) -> log(x) für a -> 0.

Mehr dazu unter:
http://de.wikipedia.org/wiki/Box-Cox-Transformation

2. 5 Fishers combined probability test

Mit *Fishers combined probability test* können mehrere unabhängig voneinander gewonnene Testergebnisse zur gleichen Hypothese H_0 über deren p-Werte zusammengefasst werden. Das Verfahren ist für beliebige Tests anwendbar, also z.B. auch für den W-Test von Shapiro und Wilk zur Überprüfung eines Merkmals auf Normalverteilung, etwa für *k* Variablen oder *k* Stichproben. Werden für *k* Tests die p-Werte $P_1,...,P_k$ erzielt, dann wird mit der folgenden Testgröße *X* die Hypothese geprüft, dass für alle *k* Tests H_0 richtig ist:

$$X = -2[ln(P_1) + ln(P_2) + \ldots + ln(P_k)]$$

X ist χ^2-verteilt mit 2*k* Freiheitsgraden.

Mehr dazu unter https://en.wikipedia.org/wiki/Fishers_method

3. R-Funktionen

Die folgenden Funktionen zusammen mit einer Benutzungsanleitung sind alle im Verzeichnis

http://www.uni-koeln.de/~luepsen/R/

zu finden und können von dort heruntergeladen werden.

3. 1 box.f: Box-F-Test für inhomogene Varianzen

Durchführung einer 1- oder 2-faktoriellen Varianzanalyse (ohne Messwiederholungen) unter Verwendung der robusten F-Tests von Box (vgl. Anhang 2.1) zur Kompensierung von Varianzinhomogenitäten.

Aufruf: `box.f (Modell, Dataframe)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiel: x ~ A*B
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe

3. 2 bf.f: Brown & Forsythe-F-Test für inhomogene Varianzen

Durchführung einer 1- oder 2-faktoriellen Varianzanalyse (ohne Messwiederholungen) unter Verwendung der robusten F-Tests von Brwon & Forsythe (vgl. Anhang 2.2) zur Kompensierung von Varianzinhomogenitäten.

Aufruf: `bf.f (Modell, Dataframe)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalystisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiel: x ~ A*B
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe

3. 3 box.andersen.f: F-Test für nichtnormalverteilte Variablen

Durchführung einer 1- oder 2-faktoriellen Varianzanalyse (ohne Messwiederholungen) unter Verwendung der robusten F-Tests von Box & Andersen (vgl. Anhang 2.3) zur Kompensierung von Abweichungen von der Normalverteilung.

Aufruf: `box.andersen.f (Modell, Dataframe)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl.Funktion aov) Beispiel: x ~ A*B
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe

Ergebnisobjekte:

anova	Anova-Tabelle
eps	Korrekturfaktor d zur Korrektur der Freiheitsgrade

3. 4 boxm.test: Test auf Homogenität von Kovarianzmatrizen

Durchführung des Box M-Tests zur Prüfung der Homogenität von Kovarianzamatrizen. Dieser Code ist von Michail T. Tsagris (School of Mathematical Sciences, University of Nottingham).

Aufruf: `boxm.test (Messwiederholungsvariablen, Gruppierungsfaktor, a=0.05)`

Aufrufparameter:

Messwiederholungsvariablen	Variablen des Messwiederholungsfaktors als Dataframe
Gruppierungsfaktor	Vektor mit den Werten des Gruppierungsfaktors
a	Signifikanzniveau (default: 0.05)

Beispiel: `boxm.test (winer[ ,c("V3","V4","V5")], winer$V2)`

3. 5 ats.2 und ats.3: 2- bzw. 3-faktorielle Varianzanalyse

ats.2 führt eine 2-faktorielle Varianzanalyse (ohne Messwiederholungen) nach dem Verfahren von Akritas, Arnold und Brunner (1997) durch sowie ats.3 eine 3-faktorielle Analyse. Errechnet wird die F-verteilte ATS (anova type statistic). Leere Zellen sind nicht erlaubt.

Aufruf: `ats.2 (Modell, Dataframe)`
bzw. `ats.3 (Modell, Dataframe)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiel: x ~ A*B
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe

3. 6 np.anova: nichtparametrische Varianzanalyse mittels der Verfahren von Puri & Sen und van der Waerden

np.anova führt eine mehrfaktorielle Varianzanalyse (mit und ohne Messwiederholungen) wahlweise nach den Verfahren von Puri & Sen (L-Statistik, verallgemeinerte Kruskal-Wallis- und Friedman-Ananlysen) oder van der Waerden durch. Im Fall von Messwiederholungen muss der Datensatz die gleiche Struktur haben, wie sie von `aov` oder `ezANOVA` gefordert wird. Bei dem Verfahren von van der Waerden ist nur maximal ein Messwiederholungsfaktor möglich.

Aufruf: `np.anova (Modell, Dataframe)` Methode von Puri & Sen
bzw. `np.anova (Modell, Dataframe, method=1)` Methode von van der Waerden

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiele: x ~ A*B oder score ~ gruppe*Zeit+Error(Vpn/Zeit)
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe

method	0 (Methode von Puri & Sen) oder 1 (Methode von van der Waerden)
compact	im Falle von Messwiederholungen: T: alle Tests in einer Dataframe-Tabelle (default) F: für jeden Fehlerterm eine getrennte Tabelle (wie bei `summary(aov)`)

3. 7 art1.anova: nichtparametrische Varianzanalyse nach dem ART-Verfahren (nur Gruppierungsfaktoren)

art1.anova führt eine mehrfaktorielle Varianzanalyse ohne Messwiederholungen nach dem ART-Verfahren (Aligned Rank Transform) durch. Eine Transformation der Ränge in normal scores ist möglich.

Aufruf: `art1.anova (`*`Modell, Dataframe`*`, method=.., main=.., adjust=.., INT=..)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiel: x ~ A*B)
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe
method	0: Berechnung der Residuen über eine Regression (default) 1: Berechnung der Residuen als Abweichungen vom Zellenmittelwert
main	F: für die Tests der Haupteffekte nur das RT-Verfahren (default) T: für die Tests der Haupteffekte ebenfalls das ART-Verfahren
adjust	0: Alignment (Adjustierung) mittels arithmetischem Mittel (default) 1: Alignment (Adjustierung) mittels Median
INT	F: ohne INT-Transformation nach der Rangbildung (default) T: mit INT-Transformation nach der Rangbildung

3. 8 art2.anova: nichtparametrische Varianzanalyse nach dem ART-Verfahren (nur Messwiederholungsfaktoren)

art2.anova führt eine mehrfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholungen auf zwei Faktoren nach dem ART-Verfahren (Aligned Rank Transform) durch. Eine Transformation der Ränge in normal scores ist möglich.

Aufruf: `art2.anova (`*`Modell, Dataframe`*` ,main=..., INT=...)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiel: x ~ Medi*Aufgabe+Error(Vpn/(Medi*Aufgabe))
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe
main	F: für die Tests der Haupteffekte nur das RT-Verfahren (default) T: für die Tests der Haupteffekte ebenfalls das ART-Verfahren
INT	F: ohne INT-Transformation nach der Rangbildung (default) T: mit INT-Transformation nach der Rangbildung

3. 9 art3.anova: nichtparametrische Varianzanalyse nach dem ART-Verfahren (für gemischte Versuchspläne)

art3.anova führt eine mehrfaktorielle Varianzanalyse für Versuchspläne mit mindestens einem Gruppierungsfaktor und ein oder zwei Messwiederholungsfaktoren nach dem ART-Verfahren (Aligned Rank Transform) durch. Im Fall von 3-faktoriellen Versuchsplänen wird keine Adjustierung für die 3er-Interaktion vorgenommen. Eine Transformation der Ränge in normal scores ist möglich.

Aufruf: `art3.anova (Modell, Dataframe, method=..., main=..., INT=...)`

Aufrufparameter:

Modell	varianzanalytisches Modell (vgl. Funktion aov) Beispiel: score ~ gruppe*Zeit+Error(Vpn/Zeit)
Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe
method	0: Berechnung der Residuen über eine Regression (default) 1: Berechnung der Residuen als Abweichungen vom Zellenmittelwert
main	F: für die Tests der Haupteffekte nur das RT-Verfahren (default) T: für die Tests der Haupteffekte ebenfalls das ART-Verfahren
INT	F: ohne INT-Transformation nach der Rangbildung (default) T: mit INT-Transformation nach der Rangbildung

3. 10 wj.anova: Welch-James-Varianzanalyse für heterogene Varianzen (nur Gruppierungsfaktoren)

1- oder 2-faktorielle Varianzanalyse für unabhängige Faktoren nach dem Verfahren von Welch & James.

Aufruf: `wj.anova (Dataframe, abh. Variable, unabh. Variablen)`

Aufrufparameter:

Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe
abh. Variable	Name in "..."
unabh. Variable 1	Name in "..."
unabh. Variable 2	Name in "..."

3. 11 wj.spanova: Welch-James-Varianzanalyse für heterogene Varianzen (für gemischte Versuchspläne)

Aufruf: `wj.spanova (Dataframe, abh. Variable, Faktoren, Fallkennung)`

Aufrufparameter:

Dataframe	Datensatz, Objekt vom Type Dataframe
abh. Variable	Name in "..."
Gruppierungsfaktor	Name in "..."
Messwiederholungsfaktor	Name in "..."
Fallkennzeichnungsvariable	Name in "..."

3. 12 koch.anova: nichtparametrische Varianzanalyse für gemischte Versuchspläne nach dem Verfahren von G.Koch

Varianzanalyse für einen Gruppierungs- und einen Messwiederholungsfaktor. Entsprechend der Veröffentlichung (Gary Koch: *Some aspects of the statistical analysis of split plot experiments in completely randomized layouts*. Journal of the American Statistical Association, Vol. 64, No. 326 (Jun., 1969), pp. 485-505) sind mehrere Varianten des Verfahrens möglich.

Die Eingabe verlangt ausnahmsweise den Datensatz im „wide format", also alle Werte eines Falles in einer Zeile.

Aufruf: `koch.anova (Dataframe, Gruppierungsfaktor, A=..., B=...)`

Aufrufparameter:

Dataframe	Datensatz vom Type Dataframe, der nur die Messwiederholungen enthält
Gruppierungsfaktor	Vektor
A	0: univariater Kruskal-Wallis -Test für Fallmittelwerte 1: multivariate Kruskal-Wallis -Test
B	0: W Test, unter der Annahme beliebiger Verteilungsformen 1: W_N* Test, unter der Annahme gleicher Verteilungsformen 2: W_{ni}* Test, unter der Annahme gleicher Verteilungsformen

3. 13 simple.effects: parametrische Analyse von simple effects

Analyse der simple effcts für ein oder mehrere Gruppierungs- und maximal einen Messwiederholungsfaktor. (Literatur: B.J.Winer et al, 1991, 422 ff und 526 ff).

Die Eingabe verlangt ausnahmsweise den Datensatz im „wide format", also alle Werte eines Falles in einer Zeile.

Aufruf: `simple.effects (Anova, Interaktion, Dataframe, adjust=...)`

Aufrufparameter:

Anova	Ergebnis-Objekt der Varianzanalyse der Funktion `aov`
Interaktion	Spezifikation der Interaktion, z.B. `"Geschlecht*Zeit"` , mehrere zu analysierende Interaktionen können mittels `c(..)` zusammengefasst werden.
Dataframe	Datensatz vom Type Dataframe, der auch für `aov` verwendet wurde
adjust	optional: α-Adjustierung, vgl. R-Funktion `p.adjust` (default: „none")

3. 14 gee.anova: Anova-like tests for GEE and GLMM models

2 Anova-like Wald-Tests für 2-faktorielle Designs: gee.anova für einen klassischen Wald-Test (vgl. Kapitel 9.8) sowie gee.robanova für einen robusten Wals-Test nach Fan & Zhang. Ersterer ist sehr liberal insbesondere bei GEE- und GLMM-Modellen, bei denen die Kovarianzamatrizen der Parameterschätzungen generell zu klein geschätzt werden und dadurch zu große χ^2-Werte erzeugen. (Literatur: Li, Peng & Redden, David T., 2015, sowie Fan, C. & Zhang, D., 2014).

Aufruf: `gee.anova` (*coefficients, covariance matrix, degrees of freedom, n)*
`gee.robanova` (*coefficients, covariance matrix, degrees of freedom)*

Parameter:

coefficients	regression coefficients (details see below)
covariance matrix	
degrees of freedom	Array with 3 df for 2 factors and the interaction
n	sample size (required for the F test)

Ergebnis:

The result is a dataframe with 3 rows, one for each of the 3 effects with columns:

`gee.anova:` degrees of freedom
χ^2-value
p value

`gee.robanova` degrees of freedom
χ^2-value
corresponding p value
F-value
corresponding p value
`nerror:` 0 for no errors
`err.invert:` 0 for no errors while computing the inverse

Literaturhinweise

Akritas, Michael G. , Arnold, Steven F. & Brunner, Edgar (1997): *Nonparametric Hypotheses and Rank Statistics for Unbalanced Factorial Designs,* Journal of the American Statistical Association, Volume 92, Issue 437 , pages 258-265

Akritas, Michael & Brunner, Edgar (2003): *Nonparametric Models for ANOVA and ANCOVA, a Review* . in "Recent Advances and Trends in Nonparametric Statistics" (Eds. M.G. Akritas and D.N. Politis), 79-91.

Alexander, R.A., Govern, D.M. (1994). A New and Simpler Approximation for ANOVA Under Variance Heterogeneity. *Journal of Educational Statistics*, 19 (2), pp. 91-101.

Algina, J., & Olejnik, S. F. (1984). Implementing the Welch-James procedure with factorial designs. *Educational and psychological measurement*, 44(1), pp 39-48.

Beasley, T.Mark (2002): *Multivariate Aligned Rank Test for Interactions in multiple Group repeated Measures Design,* Multivariate Behavioral Research, 37 (2), 197-226

Beasley, T.M., Erickson, S., Allison, D.B. (2009): *Rank-Based Inverse Normal Transformations are Increasingly Used, But are They Merited*? Behavourial Genetics, 39 (5), pp 380-395

Beasley, T.Mark & Zumbo, Bruno D. (2009): *Aligned Rank Tests for Interactions in Split-Plot Designs: Distributional Assumptions and Stochastic Heterogeneity*, Journal of Modern Applies Statistical Methods, Vol 8, N0. 1 , pp 16-50

Bennett, B.M. (1968) *Rank-order tests of linear hypotheses,* J. of Stat . Society B 30: 483-489.

Blanca, M.J., Alarcón, R., Arnau, J., Bono, R., Bendayan, R. (2017): *Effect of variance ratio on ANOVA robustness: Might 1.5 be the limit?* Behavior Research Methods, pp 1-26.

Bogard, Matt (2011): *Linear Regression and Analysis of Variance with a Binary Dependent Variable*, http://econometricsense.blogspot.de/2011/08/linear-regression-and-analysis-of.html

Bortz, Jürgen (1984): *Statistik*, Springer Lehrbuch, Berlin

Bortz, J. , Lienert, G.A. , Boehnke, K. (2008): *Verteilungsfreie Methoden in der Biostatistik*, Springer, (gekürzte Neuauflage des Klassikers)

Box, G.E.P. (1953): *Non-normality and tests on variances*, Biometrika 40, pp. 318-335

Box, G.E.P. (1954): *Some theorems on quadrative forms applied in the study of analysis of variance problems, I: Effect of inequality of variance in the one-way classification.* Annals of Mathematical Statistics, 25, pp 290-302

Box, G.E.P. & Andersen, S.L. (1955): *Permutation Theory in the Derivation of robust criteria and the study of departures from assumption*, Journal of the Royal Statistical Socierty, Series B, Vol XVII, No 1

Bredenkamp, J. (1974): *Nonparametrische Prüfung von Wechselwirkungen*, Psychologische Beiträge 16, 398-416

Brown, M.B. & Forsythe, A.B. (1974): *The Anova and Multiple Comparisons for Data with Heterogeneous Variances. Biometrics*, Vol. 30, No. 4, pp. 719-724

Brunner, E., Dette, H. and Munk, A. (1997). Box-type approximations in nonparametric factorial designs, *Journal of the American StatisticalAssociation*, 92, pp 1494-1502.

Brunner, E., Munzel, U. and Puri, M.L. (1999): *Rank-Score Tests in Factorial Designs with-Repeated Measures,* Journal of Multivariate Analysis 70, 286-317

Brunner, E. & Munzel, U. (*2002): Nichtparametrische Datenanalyse - unverbundene Stichproben*, Springer, ISBN 3-540-43375-9

Brunner, Edgar & Munzel, Ullrich (2013): *Nichtparametrische Datenanalyse, Unverbundene Stichproben*, Springer, 126 ff.

Bryan, Jennifer Joanne (2009): *Rank transforms and tests of interaction for repeated measures experiments with various covariance structures,* Oklahoma State University, Dissertation

Cardinal, Rudolf N. (2004): *ANOVA in practice, and complex ANOVA designs,* http://egret.psychol.cam.ac.uk/psychology/graduate/Guide_to_ANOVA.pdf

Carletti, I. , Claustriaux, J.J. (2005). Anova or Aligned Rank Transform Methods: Which one use when Assumptions are not fulfilled ? *Buletinul USAMV-CN*, nr. 62/2005 and below, ISSN, pp 1454-2382.

Chatfield, Mark & Mander, Adrian (2009): *The Skillings–Mack test*, Stata Journal, 9(2): pp 299–305.

Cleary, Paul D. & Angel, Ronald (1984): *The Analysis of Relationships Involving Dichotomous Dependent Variables*, Journal of Health and Social Behavior, 25, pp. 334-348.

Clinch, Jennifer J. & Keselman, H. J. (1982): *Parametric Alternatives to the Analysis of Variance*, Journal of Educational Statistics, Vol. 7, No. 3, pp. 207-214

Cochran, W.G. (1950): *The comparison of percentages in matched samples*. Biometrika 3

Conover, W.J. (1980): *Practical nonparametric Ststitsics*, Wiley, (Standardverfahren mit einigen Zusatzinformationen)

Conover, W. J. & Iman, R. L. (1981): *Rank transformations as a bridge between parametric and nonparametric statistics*. American Statistician 35 (3): 124–129.

Cornell, J. E., Young, D. M., Seaman, S. L., & Kirk, R. E. (1992). *Power comparisons of eight tests for sphericity in repeated measures designs.* Journal of Educational Statistics, 17, 233-249.

D'Agostino, Ralph B. (1971): *A Second Look at Analysis of Variance on Dichotomous Data,* Journal of Educational Measurement, Vol. 8, No. 4, pp. 327-333

Danbaba, Abubakar (2009): *A Study of Robustness of Validity and Efficiency of Rank Tests in AMMI and Two-Way ANOVA Tests*, Thesis, University of Ilorin (Nigeria)

Dawson, Robert J. MacG. (1995): *The 'Unusual Episode' Data Revisited*, Journal of Statistics Education, 3

Diaz-Bone, Rainer & Künemund, Harald (2003): *Einführung in die binäre logistische Regression*, Freie Universität Berlin, Mitteilungen aus dem Schwerpunktbereich Methodenlehre, Heft Nr. 56
http://www.rainer-diaz-bone.de/Logreg.pdf

Dijkstra, J. B. (1987). Analysis of means in some non-standard situations. Technische Universiteit, Eindhoven DOI: 10.6100/IR272914.

Erceg-Hurn, David M. & Mirosevich, Vikki M. (2008): *Modern robust statistical methods*, American Psychologist, Vol. 63, No. 7, 591–601

Feir, B.J., Toothaker, L.E. (1974). *The ANOVA F-Test Versus the Kruskal-WallisTest: A Robustness Study*. Paper presented at the 59th Annual Meeting of the American Educational Research Association in Chicago, IL.

Fan, Weihua (2006): *Robust means modelling: An Alternative to Hypothesis Testing of Maen Equality in Between-subject Designs under Variance Heterogenity and Nonnormality*, Dissertation, University of Maryland
http://drum.lib.umd.edu/bitstream/1903/3786/1/umi-umd-3627.pdf

Fan, C. & Zhang, D. (2014): Robust small sample inference for generalised estimating equations: An application of the Anova-type test.
Australian & New Zealand Journal of Statistics, 56(3), pp 237–255.

Feng, C., Wang, H., Lu, N., Chen, T., He, H., Lu, Y., Tu, X.M. (2014): *Log-transformation and its implications for data analysis*. Shanghai Archives of Psychiatry, Vol. 26, No. 2, pp 105-109.

Field, Andy (2009): *Discovering Statistics using SPSS*, Sage Publications, London

Fox, J. & Weisberg, S. (2011): *An R Companion to Applied Regression*. SAGE Publications, Los Angeles.

Gao, X. and Alvo, M. (2005). A nonparametric test for interaction in two-way layouts. *Canadian Journal of Statistics*, Volume 33, Issue 4, pp 529–543.

Glass, G.V., Peckham, P.D. & Sanders, J.R. (1972): *Consequences of failure to meet assumptions underlying the fixed effects analysis of variance and covariance*, Review of Educational Research, 42(3), pp 237-288

Gonzalez, Richard (2009): *Contrasts and Post Hoc tests (Lecture Notes)* , University of Michigan, Ann Arbor, http://www-personal.umich.edu/~gonzo/coursenotes/file3.pdf

Götzte-Baltes, Bernhard (2016): *Generalisierte lineare Modelle und GEE -Modelle in SPSS Statistics*, Universität Trier,
https://www.uni-trier.de/fileadmin/urt/doku/gzlm_gee/gzlm_gee.pdf

Hahn, S., Konietschke, F. and Salmaso, L. (2013): *A comparison of efficient permutation tests for unbalanced ANOVA in two by two designs - and their behavior under heteroscedasticity*, arXiv.org Cornell University, http://arxiv.org/pdf/1309.7781.pdf

Hallin, Marc & Paindaveine, Davy (2006): *Optimal Rank-Based Tests for Sphericity*, The Annals of Statistics, Vol. 34, No. 6, pp 2707–2756

Hettmansperger, Thomas P. & McKean, Joseph W. (2011): *Robust Nonparametric Statistical Methods*, CRC Press

Hora, Stephen C. & Conover, W. J. (1984): *The F Statistic in the Two-Way Layout with Rank-Score Transformed Data*, Journal of the American Statistical Association, Vol. 79, No. 387, pp. 668-673

Huang, M.L. (2007): *A Quantile-Score Test for Experimental Design*, Applied Mathematical Sciences, Vol. 1, No 11, pp 507-516

Huynh, H. (1978): *Some approximate tests for repeated measurement designs*, Psychometrika 43, 161-175

Iman, R.L. & Davenport, J.M. (1976): *New approximations to the exact distribution of the Kruskal-Wallis test statistic,* Comm, Statist, A5, pp 1335-1348

Institute for Digital Research and Education, UCLA: *R Library: Contrast Coding Systems for categorical variables:* http://www.ats.ucla.edu/stat/r/library/contrast_coding.htm

Institute for Digital Research and Education, UCLA: *Repeated Measures Analysis with R*, http://www.ats.ucla.edu/stat/r/seminars/Repeated_Measures/repeated_measures.htm

Institute for Digital Research and Education, UCLA: *Regression with SPSS: Chapter 5: Additional coding systems for categorical variables in regression analysis* : http://www.ats.ucla.edu/stat/spss/webbooks/reg/chapter5/spssreg5.htm

Ito, P.K. (1980): *Robustness of Anova and Manova Test Procedures* in Handbook of Statistics, Vol. 1, (P.R.Krishnaiah,ed.)

James, G.S. (1951). The comparison of several groups of observations when the ratios of the population variances are unknown. Biometrika, 38, pp 324-329.

Keselman, H. J., Carriere, K. C., & Lix, L. M. (1993): *Testing Repeated Measures Hypotheses When Covariance Matrices are Heterogeneous. Journal of Educational and Behavioral Statistics,* Vol. 18, no. 4, pp 305-319

Keselman, H. J., Carriere, K. C., & Lix, L. M. (1995): Robust and powerful nonorthogonal analyses. *Psychometrika*, 60, 395-418.

Kloke, John D. & McKean, Joseph W. (2012): *Rfit : Rank-based estimation for linear models,* http://journal.r-project.org/archive/2012-2/RJournal_2012-2_Kloke+McKean.pdf

Koch, Gary (1969): *Some aspects of the statistical analysis of split plot experiments in completely randomized layouts*. Journal of the American Statistical Association, Vol. 64, No. 326, pp. 485-505

Koch, G.G., Landis, J.R., Freeman, J.L., Freeman, D.H., and Lehnen, R.G. (1977): *A general methodology for the analysis of experiments with repeated measurement of categorical data*. Biometrics, 33, 133-158.

Kowalchuk, Rhonda K. , Keselman, H. J. & Algina, James (2003): *Repeated Measures Interaction Test with Aligned Ranks*, Multivariate Behavioral Research, Volume 38, Issue 4

Lemmer, H. H., & Stoker, D. J. (1967). *A distribution-free analysis of variance for the two-way classification.* South African Statistical Journal,1, 67–74

Leys, C., Schumann, S. (2010). A nonparametric method to analyze interactions: The adjusted rank transform test. *Journal of Experimental Social Psychology*.

Li, Peng & Redden, David T. (2015): Comparing denominator degrees of freedom approximations for the generalized linear mixed model in analyzing binary outcome in small sample cluster-randomized trials. *BMC Medical Research Methodology*, https://doi.org/10.1186/s12874-015-0026-x

Lienert, G.A. (1987): *Verteilungsfreie Methoden in der Biostatistik* - Band 1 und 2, (der „Klassiker“)

Lindman, H. R. (1974): *Analysis of variance in complex experimental designs*. San Francisco: W. H. Freeman & Co.

Lix L.M., Keselman J.C. and Keselman, H.J. (1996). Consequences of Assumption Violations Revisited: A Quantitative Review of Alternatives to the One-Way Analysis of Variance F Test. *Review of Educational Research*, Vol. 66, No. 4, pp. 579-619.

Lunney, G.H. (1970): *Using Analysis of Variance with a dichotomous dependent variable: an empirical study*. Journal of Educational Measurement Volume 7, Issue 4

Lüpsen, Haiko (2014): *Multiple Mittelwertvergleiche - parametrisch und nichtparametrisch - sowie alpha-Adjustierungen mit praktischen Anwendungen mit R und SPSS*, Universität zu Köln, http://www.uni-koeln.de/~luepsen/statistik/buch/mult-comp.pdf

Lüpsen, Haiko (2016a): *The Aligned Rank Transform and discrete Variables - a Warning*, erschienen in: Communications in Statistics - Simulation and Computation, DOI: 10.1080/03610918.2016.1217014 http://www.uni-koeln.de/~luepsen/statistik/texte/ART-discrete.pdf

Lüpsen, Haiko (2016b): *The lognormal distribution and nonparametric anovas - a dangerous alliance*, Universität zu Köln, http://www.uni-koeln.de/~luepsen/statistik/texte/lognormal-anova.pdf

Lüpsen, Haiko (2017): *Comparison of nonparametric analysis of variance methods - A Vote for van der Waerden*, *Communications in Statistics - Simulation and Computation*, Volume 30, pp 1-30, DOI: 10.1080/03610918.2017.1353613 http://www.uni-koeln.de/~luepsen/statistik/texte/comparison-1.pdf

Lüpsen, Haiko (2018): *Anova with binary variables - Alternatives for a dangerous F-test*, http://www.uni-koeln.de/~luepsen/statistik/texte/binary.pdf

Mansouri, H. & Chang, G. H. (1995): *A Comparative Study of Some Rank Tests for Interaction*, Computational Statistics and Data Analysis, 19, 85-96

Mansouri, H., Paige, R. L. & Surles, J. G. (2004): *Aligned Rank Transform Techniques for Analysis of Variance and Multiple Comparisons,* Communications in Statistics - Theory and Methods, Volume 33, Issue 9

Marascuilo, Leonard A. & McSweeney, Maryellen (1977): *Nonparametric and distribution-free methods for the social sciences,* Brooks/Cole Pub. Co.

Mendeş, Mehmet & Yiğit, Soner (2013): *Type I error and test power of different tests for testing interaction effects in factorial experiments,* Statistica Neerlandica, Vol 67 Issue 1, pp 1-26

Meyer, Bertolt (2008): *Obtaining the same ANOVA results in R as in SPSS - the difficulties with Type II and Type III sums of squares* , http://myowelt.blogspot.de/2008/05/obtaining-same-anova-results-in-r-as-in.html

Moulton, Samuel (2010): *Mauchly Test*, in *Encyclopedia of Research Design*, ed. Neil J. Salkind, Sage Publications

Munzel, Ullrich & Brunner, Edgar (2000): *Nonparametric methods in multivariate factorial designs,* Journal of Statistical Planning and Inference, Volume 88, Issue 1, Pages 117–132

Noguchi, K., Gel, Y.R., Brunner, E. , Konietschke, F. (2012): *nparLD: An R Software Package for the Nonparametric Analysis of Longitudinal Data in Factorial Experiments,* Journal of Statistical Software ,Volume 50, Issue 12.

Olejnik, Stephen F. & Algina, James (1985): *A Review of Nonparametric Alternatives To Analysis of Covariance,* Evaluation Review 9: p 51-83

Online Statistics Education: http://onlinestatbook.com/2/transformations/box-cox.html

Osborne, Jason W. (2008): *Best Practices in Quantitative Methods*, Sage Publications

Peterson, Kathleen (2002): *Six Modifications Of The Aligned Rank TransformTest For Interaction*, Journal Of Modem Applied Statistical Methods Winter 2002, Vol. 1, No. 1, pp 100-109

Puri, M.L. & Sen, P.K. (1985): *Nonparametric Methods in General Linear Models*, Wiley, New York

Richter, S. J. and Payton, M. (2003). *An Improvement to the Aligned Rank Statistic for Two-Factor Analysis of Variance.* Joint Statistical Meeting of the American Statistical Association, Journal of Applied Statistical Science, 14(3/4), pp 225-236.

Salazar-Alvarez, M.I. , Tercero-Gomez, V.G., Temblador-Pérez, M., Cordero-Franco, A.E., Conover, W.J. (2014): *Nonparametric analysis of interactions: a review and gap analysis*, Proceedings of the 2014 Industrial and Systems Engineering Research Conference, Y. Guan and H. Liao (eds.)

Sawilowsky, S., Blair, R. C., & Higgins, J. J. (1989): *An investigation of the type I error and power properties of the rank transform procedure in factorial ANOVA*, Journal of Educational Statistics 14 (3): 255–267

Sawilowsky, S. (1990): *Nonparametric tests of interaction in experimental design*. Review of Educational Research 60: 91–126.

Scholer, Falk (2016): *ANOVA (and R)*, http://goanna.cs.rmit.edu.au/~fscholer/anova.php

Scheirer, J., Ray, W.S. , Hare, N. (1976): *The Analysis of Ranked Data Derived from Completely Randomized Factorial Designs*. Biometrics. 32(2). International Biometric Society, pp 429−434

Schneider, P. J., & Penfield, D. A. (1997). Alexander and Govern's approximation: Providing an alternative to ANOVA under variance heterogeneity. *The Journal of Experimental Education,* 65, pp 271-286.

Sheskin, David J. (2004): *Handbook of Parametric and Nonparametric Statistical Procedures*, Chapman & Hall

Shirley, E.A. (1981): *A distribution-free method for analysis of covariance based on ranked data*, Journal of Applied Statistics 30: pp 158-162.

Statsoft: https://www.statsoft.com/Textbook/ANOVA-MANOVA

Thomas, J.R., Nelson, J.K. and Thomas, T.T. (1999). A Generalized Rank-Order Method for Nonparametric Analysis of Data from Exercise Science: A Tutorial. *Research Quarterly for Exercise and Sport, Physical Education, Recreation and Dance*, Vol. 70, No. 1, pp 11-23.

Tomarken, A.J. and Serlin, R.C. (1986). Comparison of ANOVA Alternatives Under Variance Heterogeneity and Specific Noncentral Structures. *Psychological Bulletin*, Vol. 99, No 1, pp 90-99.

Toothaker, Larry E. & De Newman (1994): *Nonparametric Competitors to the Two-Way ANOVA*, Journal of Educational and Behavioral Statistics, Vol. 19, No. 3, pp. 237-273

Tuerlinckx, F., Rijmen, F., Verbeke, G. & De Boeck, P. (2006): Statistical inference in generalized linear mixed models: A review. *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology*, 59, pp 225–255.

Vallejo, G. & Escudero, J.R. (2000): *An examination of the robustness of the modified Brown-Forsythe and the Welch-James tests in the multivariate Split-Plot designs*. Psicothema 2000. Vol. 12, no 4, pp. 701-711

Vallejo, G., Ato, M., Fernandez, M.P. (2010). A robust approach for analyzing unbalanced factorial designs with fixed levels. *Behavior Research Methods*, 42 (2), 607-617

Vargha, András & Delaney, Harold D. (1998): *The Kruskal-Wallis Test and Stochastic Homogeneity*, Journal of Education and Behavioral Statistics, vol. 23 no. 2, pp 170-192

Wang, M., Kong, L., Zheng, L. & Zhang, L. (2016): Covariance estimators for Generalized Estimating Equations (GEE) in longitudinal analysis with small samples. *Statistics in Medicine*, 35(10), pp 1706–1721.

Weyer, Veronika (2008): *Modellwahl für die Analyse longitudinaler Daten einer Forschungsstudie des visuellen Systems*, Carl von Ossietzky Universität Oldenburg, https://www.statistik.tu-dortmund.de/fileadmin/user_upload/Lehrstuehle/Ingenieur/Mueller/Diplomarbeiten/Weyer.pdf

Wikipedia: http://en.wikipedia.org/wiki/ANOVA_on_ranks

Wikipedia: https://de.wikipedia.org/wiki/Zweistichproben-t-Test

Wikipedia: https://en.wikipedia.org/wiki/Fishers_method

Wikipedia: http://en.wikipedia.org/wiki/Logistic_regression

Wikipedia: http://en.wikipedia.org/wiki/Van_der_Waerden_test

Wikipedia: http://de.wikipedia.org/wiki/Friedman-Test_(Statistik)

Wilcox, Rand R. (2003): *Applying Contemporary Statistical Techniques*, Elsevier

Wilcox, Rand R. (2012): *Introduction to Robust Estimation and Hypothesis Testing*, Elsevier

Wilcox, Rand R. (2013): *New Statistical Procedures for the Social Sciences: Modern Solutions To Basic Problems*, Psychology Press, Lawrence Erlbaum Assoc

Wilcox, Rand R. (2005): *Introduction to robust estimation and hypothesis testing*, Burlington MA; Elsevier

Winer, B.J. et al. (1991): *Statistical Principles in Experimental Design*, pp 1028 ff bzw. pp 1024 ff)

Wobbrock, J. O., Findlater, L., Gergle, D. & Higgins, J. (2011): *The Aligned Rank Transform for Nonparametric Factorial Analyses Using Only ANOVA Procedures*, Computer Human Interaction - CHI , pp. 143-146

Wobbrock, J. O et al. (2011): ARTool: http://depts.washington.edu/aimgroup/proj/art/

Zhang, Shuqiang (1998): *Fourteen Homogeneity of Variance Tests: When and how to use them*, Annual Meeting of the American Educational Research Association, San Diego

Ziegler, A., Kastner, Ch., Blettner, M. (1998): The Generalised Estimating Equations: An Annotated Bibliography. Biometrical Journal 40 (2), pp 115-139.

Zimmerman, D.W. (1998). Invalidation of Parametric and Nonparametric Statistical Tests by Concurrent Violation ofTwo Assumptions. *The Journal of Experimental Education*, Vol. 67, No. 1 (Fall, 1998), pp. 55-68.

Zimmerman, D.W. (2004). Inflation of Type I Error Rates by Unequal Variances Associated with Parametric, Nonparametric, and Rank-Transformation Tests. *Psicológica*, 25, pp 103-133.